

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 12:33:37 ; Search time 389.056 Seconds
(without alignments)
10211.524 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-1

Perfect score: 2235
Sequence: 1 gtgatacaataataataa.....caactatgatcattgattaa 2235

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 1303057 seqs, 888780828 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2606114

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Issued Patents NA: *
1: /cgn2_6/ptodata/1/ina/1 COMB.seq:*
2: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5 COMB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A COMB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B COMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/1/ina/H COMB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PC/US COMB.seq:*
7: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PP COMB.seq:*
8: /cgn2_6/ptodata/1/ina/RE COMB.seq:*
9: /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfile1.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	381.4	17.1	3543	3 US-09-224-024-27	Sequence 27, Appl
2	381.4	17.1	3543	6 PCT-US94-07902-27	Sequence 27, Appl
3	221	9.9	2061	3 US-09-224-024-30	Sequence 30, Appl
4	221	9.9	2061	6 PCT-US94-07902-30	Sequence 30, Appl
5	92.6	4.1	3507	2 US-08-315-468-3	Sequence 3, Appl
6	79.6	3.6	3444	2 US-08-349-867-22	Sequence 22, Appl
7	79.6	3.6	3444	2 US-08-349-867-26	Sequence 26, Appl
8	79.6	3.6	3444	2 US-08-239-476-22	Sequence 22, Appl
9	79.6	3.6	3444	2 US-08-239-476-26	Sequence 26, Appl
10	79.6	3.6	3444	2 US-08-598-305A-22	Sequence 22, Appl
11	79.6	3.6	3444	2 US-08-598-305A-26	Sequence 26, Appl
12	79.6	3.6	3444	2 US-08-639-923A-22	Sequence 22, Appl
13	79.6	3.6	3444	2 US-08-639-923A-26	Sequence 26, Appl
14	79.6	3.6	3444	6 PCT-US95-05431-22	Sequence 22, Appl
15	79.6	3.6	3444	6 PCT-US95-05431-26	Sequence 26, Appl
16	79.6	3.6	3450	2 US-08-349-867-20	Sequence 20, Appl
17	79.6	3.6	3450	2 US-08-239-476-20	Sequence 20, Appl
18	79.6	3.6	3450	2 US-08-598-305A-20	Sequence 20, Appl
19	79.6	3.6	3450	2 US-08-639-923A-20	Sequence 20, Appl
20	79.6	3.6	3450	6 PCT-US95-05431-20	Sequence 20, Appl
21	79.6	3.6	3522	2 US-07-828-788A-9	Sequence 9, Appl
22	79.6	3.6	3522	2 US-08-349-867-24	Sequence 24, Appl
23	79.6	3.6	3522	2 US-08-349-867-28	Sequence 28, Appl
24	79.6	3.6	3522	2 US-08-239-476-24	Sequence 24, Appl

25	79.6	3.6	3522	2 US-08-239-476-28	Sequence 28, Appl
26	79.6	3.6	3522	2 US-08-356-034-7	Sequence 7, Appl
27	79.6	3.6	3522	2 US-08-598-305A-24	Sequence 24, Appl
28	79.6	3.6	3522	2 US-08-598-305A-28	Sequence 28, Appl
29	79.6	3.6	3522	2 US-08-639-923A-24	Sequence 24, Appl
30	79.6	3.6	3522	2 US-08-639-923A-28	Sequence 28, Appl
31	79.6	3.6	3522	3 US-08-933-891-7	Sequence 7, Appl
32	79.6	3.6	3522	3 US-09-178-252-5	Sequence 5, Appl
33	79.6	3.6	3522	3 US-09-521-344-7	Sequence 7, Appl
34	79.6	3.6	3522	3 US-09-826-660-5	Sequence 5, Appl
35	79.6	3.6	3522	3 US-09-837-961A-7	Sequence 7, Appl
36	79.6	3.6	3522	6 PCT-US92-11337-9	Sequence 9, Appl
37	79.6	3.6	3522	6 PCT-US95-05431-24	Sequence 24, Appl
38	79.6	3.6	3522	6 PCT-US95-05431-28	Sequence 28, Appl
39	79.6	3.6	3522	9 5188960-7	Patent No. 5188960
40	79.6	3.6	4020	6 PCT-US91-02560-1	Sequence 1, Appl
41	77.8	3.5	3504	3 US-10-089-678-2	Sequence 2, Appl
42	77.8	3.5	3690	3 US-10-089-678-3	Sequence 3, Appl
43	77.2	3.5	1959	3 US-08-996-441B-13	Sequence 13, Appl
44	77.2	3.5	1959	3 US-08-993-722A-13	Sequence 13, Appl
45	77.2	3.5	1959	3 US-08-993-170A-13	Sequence 13, Appl

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-09-224-024-27
; Sequence 27, Application US/09224024
; Patent No. 6056953
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Leslie Hinkle
; TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
; TITLE OF INVENTION: Caliphoridae Pests
; NUMBER OF SEQUENCES: 31
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESS: David R. Saliwanchik
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
; CITY: Gainesville
; STATE: FL
; COUNTRY: USA
; ZIP: 32606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/09/224, 024
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION:
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/856, 226
; FILING DATE:
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Saliwanchik, David R.
; REGISTRATION NUMBER: 31,794
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 904-375-8100
; TELEFAX: 904-372-5800
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 3543 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; US-09-224-024-27
; Query Match 17.1%; Score 381.4; DB 3; Length 3543;
; Best Local Similarity 52.8%; Pred. No. 2.5e-68;

Matches 1176; Conservative 0; Mismatches 971; Indels 82; Gaps 13;

```
Qy 12 TAATAATATGAAATGAGATTATCGATTCCAAAGAAATTATCTTATCTTCAACAGAAA 71
Db 9 TTATCABAAAATAAAATGAAATGAAACATTAAATGCTTCACAAAAATTTAAATATATC 68
Qy 72 TATTGATCATTTGATGATACCTTACACAAATATCCAAATCACCATTTACAAAACACAAA 131
Db 69 TAATTAATTAATACAGATATCCAAATGAAAATAGTCCAAAACAAATTAATTAACAAGTACAAA 128
Qy 132 TTCAAGAGTGGCTCAATATNGTCAAGGAATACAAATATGATATATTCGAGAC 191
Db 129 TTATTAAGATGGCTCAATATGATGTCACAAATCAGATCAGATGGAGATTTTGAAC 188
Qy 192 ATTGCTAGTGTGATCAATTTGCTGAGTATGTCAGATCTATTTGATCCGCTACT 251
Db 189 TTTTATTTGAT-----AGTGTGAATCTAGTCCATATCTATTTGATGGGACCGT 239
Qy 252 GTTAGCCGATATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGAAACGATAGAAATTAATGGTCTAT 311
Db 240 ACTGACTGT-----TTGCGGTTCAACACCCCTTAGGACTTGC 278
Qy 312 AATPATCTTTGGTACCTTAATCATCTGCTTTTGCCCGGGGAGAAACAGACAAAAC 371
Db 279 TTATATGTTTGGTACATTAATACAGTCTTTTCAGCCCAAGACCAATCTAACAC 338
Qy 372 AGTATGACACAATTTATTAATAATGGGAAATTTTGTGATACACCGTTTACA-GAAA 430
Db 339 ---ATGAGTGAATCTTTTAAACAAACTTAAATAATTTAATAAAAAGAAATAGATCAAC 395
Qy 431 GCATAAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGCAAAATATTAACAAGCTATA 490
Db 396 ATATATATGATATCTATTAATAATTTTAAACAGGTCGTTTATGTATCAGCACTTATCA 455
Qy 491 ATTACAGATTAGATGATTTGGAGAAATTTAAAGAATCAAGCTCCGATTAACACAT 550
Db 456 TAAATCACTTAAACATGGAGAAATTAATCCAAACCCCAAAATATCTCAGATGTAAAGA- 514
Qy 551 CATCAGCATTAACAACAAGCTGCTTGAATCTTAAATAATAGATTTAGAAATGTTACAAATG 610
Db 515 ---CACAAATCAGCTGTTTCAATACATTTTCAAAAATGATCTCCAGAGCTTTGTAACCT 571
Qy 611 ATTTTATTCGAGAAATACCTGCTTTCCAACTTGAACCTTATTAACCGTATTTACTACTTA 670
Db 572 CTGTCTCTCTTAATCTAGTATGCTG-----GATTAATTAATCATCTAGTATTAATCTA 625
Qy 671 TTTATGGCAAGCTTAATTTTCAATTTAAATTTATTAACAACAAGTGTGATTTGCTG 730
Db 626 GTTATGCAACAAGCAAACTTACATCTGATGTATTAATCAAGCCGTCAAAATTTGAAG 685
Qy 731 ATGATGGAATGACAGATATACATCTTCACAAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAGATG 790
Db 686 CGATTTTAAAAAACAATCGACATTCGATTAATTTAGAGCCCTTTGCC---AAGACAATATG 742
Qy 791 ACTATTAATAAATCTTTAAAGAAATATACCTAAATATAGTAACTATTTGCAAAATACCT 850
Db 743 ATATTTATCCAGTATGATCTAAAGCTATAGAAAGTACACTAAATTAATGTTGTAACAATCT 802
Qy 851 ATTAGAGAGGCTAAATTAATCTTGAACGAACCTTAATATAGATGAGATATTTATATG 910
Db 803 ATTAATAAAGGATTAATTTAATTAATAAAGACGCTGATATGTAATCTTGATGGAATATTA 862
Qy 911 ATTATGCAAGATATATGATCTATTAATGATATGATATGATGCTCAATTTTCTTTTATG 970
Db 863 ACTGGAACACATACATATCGATGGAACAAAATGATCTATGCTGATTTAGATCTTGTG 922
Qy 971 ATATTAAGAGATACAAAGATTCATATGAGAGAAATAGTGGCATTTAAACTGAACCTTACA 1030
Db 923 CACTCTTCTTAATTAATGATGTAGGTAAATATCCAAATAGTGTCCAAATCTGAACCTTACTC 982
Qy 1031 GAGGAATTTATACAGAAATTAATTTTGACGCTTTACTTACTTGAATTTCAACCCA 1090
Db 983 GAGGAATTTAT-----CAGGTACTTAATCTTGAGAGAAAGCCCTTAATTAATTAATGATGAC 1035
```

```
Qy 1091 ATCTCGTAAATGGAATATTAATTTAAACGTTCAAGGCTTAGATTAATTTTCATTTTAG 1150
Db 1036 TTTCATATACAAAGGATTTACTTACACGTAAGCCGCAATTTATTTACTTGGCTGATTC 1095
Qy 1151 ATGAACTTATTTTATTAACAATAATGAAACGTAAGGGAATCGTTTATGTTGGTACGA 1210
Db 1096 TTGAATTTTATTAATAAAGCGCAAACTACTCCAAATTAATTTTTCACAGCCATTAAT 1155
Qy 1211 ATGTAATGATCTACTT-ATGCTAGACAGAACTGAATTAATTAATGAGAGAAACA 1269
Db 1156 ATGTTTCATTAACACACTGATTAATTAATCCAAAATCTATGTTTTTGGAAATCAAT 1215
Qy 1270 GGTCCACCCCAACAAAACCTTAAATACATTTGAATTCCTATTAAGTTCAATGTAACT 1329
Db 1216 GTAAAGATTAATTAATAATCTGTTGGTGGCAACAAATATTTATTTTATTAAT 1275
Qy 1330 GATAGACAAATTAATCTCTACTTCCCTTTCTCAATATATCTTACAAATTAATCAAAAT 1389
Db 1276 GTCATAGCTTATGATTAATTAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1335
Qy 1390 GAACCTTATTTAATTAATTAATCACTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1449
Db 1336 TTATTAATCTATATGATCTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGCAGATCTGGCAATA 1395
Qy 1450 TCTAATGATTAATAAACAACCTGATTTTCAATTTCTGTAAATAAAGACGTAAACCAATT 1509
Db 1396 ACTTATGATTAATTAATAAATAATTTTCGGGTACCAATCTTAAACCAAGAGAAATCA 1455
Qy 1510 ATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTTATTAATGATTAATGATTAATTTTATCCAGTTTCT 1569
Db 1456 GCAATCCCTTAATCCCTTTTCCAAATGATTAATGATTAATGATTAATTAATTAATTAAT 1515
Qy 1570 TTATTTAATTAATCTTAATAAATTTGATTAAGGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1629
Db 1516 AGCTTTATGATGCC-----TGCAACATTAATAACTCAAGTATTAAGTTT 1560
Qy 1630 GGATGGAACAACAAGTATGTTAATTAAGAAATTAATGCAATTCAGATTAATAATTAATTA 1689
Db 1561 GCTTGAACACACTGATGTTGATTCCTAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
Qy 1690 ATCCCAAGATTAAGATTAACAGTCTTGAATCAAACTTAAGTAAATGGAAGACCTGCT 1749
Db 1621 ATTCAGAGCTTAATAAGGAATTCAGTGGGACCTGCTTAAGGTTGTCAGAGACCTGCT 1680
Qy 1750 CATACAGAGGAATCTGTTTATTTAACAAGCTCAAGGCGTTAGATTAATGATGAGA 1809
Db 1681 CATACAGAGGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1734
Qy 1810 ACTCTAATTTCAACAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1869
Db 1735 CACTCAAAATTTCAACAATGATTTTATTAAGAAATGTTATGCTTCAAAATGGAAGGCA 1794
Qy 1870 AATTAATCTTCTTAATATATCTTAAATTAACAGAGTAATAGGAATACCACTCAACGA 1929
Db 1795 AATTAACAGAGCTTAAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1851
Qy 1930 CTGAACAACCTTTCTGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1889
Db 1852 CTGAACCCCACTTTCTGATCAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1911
Qy 1990 TTCAATTTCAAGTACAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2049
Db 1912 TTGAATTTTCTAACAAGAGTGAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTGTTGTTAAT 1971
Qy 2050 CGTGACAGATGAT---CAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2106
Db 1972 CGTTCGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2031
Qy 2107 ACTTCTCTGATAGCCAAATTAAGAAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2166
Db 2032 ACTGTTCTTAATTAAGAGGATTAAGAGAAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2091
```

QY 2167 AATCATTTCACCAAAATCATACAAAATAATCTTAATAATAGAAAGCCACAACTATGAT 2226
Db 2092 AATACATTTCATGCAAACTCTATATAAAAACCTTACATCAGAACTTACAGATTATGAC 2151
QY 2227 ATTGATTAA 2235
Db 2152 ATTAGATCAA 2160

RESULT 2
PCT-US94-07902-27

```
; Sequence 27, Application PC/TUS9407902
; GENERAL INFORMATION:
```

1 APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road
2
3 APPLICANT: City: San Diego
4 APPLICANT: State/Province: California
5 APPLICANT: Country: US
6 APPLICANT: Postal code/Zip: 92121
7 APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991
8 APPLICANT: Telex number:
9 TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
10 TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests
11 NUMBER OF SEQUENCES: 31
12
13 CORRESPONDENCE ADDRESS:
14
15

```

1  COMPUTER READABLE FORM:
2  MEDIUM TYPE: Floppy disk
3  COMPUTER: IBM PC compatible
4  OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
5  SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.25
6  CURRENT APPLICATION DATA:
7  APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902
8  FILING DATE:
9

```

```

1 CLASSIFICATION:
2 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
3 NAME: Salimanchik, David R
4 REGISTRATION NUMBER: 31,79
5 REFERENCE/DOCKET NUMBER: M
6 TELECOMMUNICATION INFORMATION
7 TELEPHONE: 904-375-8100
8 TELEFAX: 904-372-5800
9 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:
10 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
11 LENGTH: 3543 base pairs
12 TYPE: nucleic acid
13 STRANDEDNESS: single
14 TOPOLOGY: linear
15 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
16 PCT-US94-07902-27

```

Query Match	17.1%;	Score	381.4;	DB	6;	Length	3543;
Best Local Similarity	52.8%;	Pred.	No. 2.5e-68;				
Matches 11/6; Conservative	0;	Mismatches	971;			Indels	82;
						Gaps	13;

QY	12	TTATATATATGAATATGAGATTATGCATTCAGAAAGTATATCTTATCTTCTTAACGAAA	71
Db	9	TTATCAAAATATAAAATGAAATATGMAACATTTAAATGCTTCACAAAAAAAATTAATATATATC	68
QY	72	TATGTATCTTCCTAGTATACCCCTTACACAATATATCCAAATCAACCTTACAAACCAAA	131
Db	69	TTATATTTTACAGATATCCCAATAGAAAATAGTCCAAACCAATTTTTCAAAGTACAAA	128
QY	132	TTACAAAGATGGCTCAATATGTGTCAAGGGAATACACATATGTGATATATTTTCGAGAC	191
Db	129	TTATATAAGATTTGGCTCAATATGTGTGTACACGATACGACGATATGTGTGAGAAATTTTGAAC	188
QY	192	ATTTCGTAGTCTGATACAAATTCGTGCAAGTTAGTGCAGGTACTATATGTATCCGGTACTCT	251

Db	189	TTTATATGAT-----AGTGGGAAC	CTGAGTCCATATCTATTTGATGGGACGT	239
Qy	252	GTTAACCGGATATAGGTGGCTCACTTCTATATCCGGAACGATAGGAATATATAGTGTCTAT	311	
Db	240	ACTGACTGGT-----TTGGGTTTCAACA	CACTCTTAGGACTTGC	278
Qy	312	AATAATATCTTTGGTATCCCTAATCACTGTCTTTGGCCGGGGGAGAACAAACAAC	371	
Db	279	TTTATATAGTTTTGGTATTAATACAGATGCTTTTTCACGCCCAAGCCATCTTAACAC	338	
Qy	372	AGTATGACACAATTTATTAATAAGGGAGAAATTTTGTGTATCACCGTTACA-GAA	430	
Db	339	---ATGGAGTACCTTTATTAACAACAATTAATATTAATAAAGAAATATGATCAAC	395	
Qy	431	GCATTAACAGCTAAAGTTACAAACCTTTAGAAGATTTAGCAAAATATTAACAAGCTATA	490	
Db	396	ATATTAATAGTATGCTAATTAATAATTTTAAACAGGTCCGTTATGTATTAACACATTTATCA	455	
Qy	491	ATACAGCTTATGATGATTTGAGAAATTTAAAGATACAGTCCGTTGATTTACCACAT	550	
Db	456	TAAATCACTTAAACATGGGAGAAATTAATCCAAACCAAAATATCTCGAATGTAAAG-A	514	
Qy	551	CATCAGCATTAACAACAAGCTGCTTGACTCTTAATAATACGATTTGAGAAATGTTCAAGT	610	
Db	515	---CACAAATCAGCTAGTTCATTAACATTTTCAAATGTCAATTCAGAGCTTGAACCT	571	
Qy	611	ATTTTATTCGAGAAATATACCTGTTTCCAACTTGAACTTAATAACGCTATTACTACCTA	670	
Db	572	CTGTGCTCTTATCTGATGATGGC-----GATTAATATAACATACTAGATATATCTA	625	
Qy	671	TTTATGGCAAGCTGCTAATTTTCACTTTAAATTTTATTAACAACAAGTCTGAATGGCTG	730	
Db	626	GTATATGCAAGCAGCAACTTAATCACTGATGTATTAATCAAGCCCTCAATTTGAG	685	
Qy	731	ATGATAGGAATGACATATACATCCTTCAACAATGAACCTAATGCTGGAACATCAGAT	790	
Db	686	CGTATTTAAAAAACATCGACATTCGATTTTATTTAGACCTTTGGC--AAACGCAATGG	742	
Qy	791	ACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATATACCTAATATATAGTAACTATTTGCAAAATACCT	850	
Db	743	ATATATATCCAGTATGACTAAGCTATAGAAAGATTAACATTAATATGTGTAAACAATT	802	
Qy	851	ATAGAGAGACATAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATGATGAGTATATTTAATG	910	
Db	803	ATAAAAAAGGATTAATTAATTTAATAAAGACGCTGATAGTAACTTGATGAATATATA	862	
Qy	911	ATTATCGAAGATATATGACTATATCTGATTTAGATACATATGCTCAATTTCTTTTATAG	970	
Db	863	ACTGACACATACATACGATATGACACAAAATGACTACGCTGATATAGATCTTGTGG	922	
Qy	971	ATATTAAGATATCAAAAGATTCAATATAGGAAGAAATAGTGGCACTTTAACTGAACCTTAACA	1030	
Db	923	CACCTTTTCTTAATATATATGATGATATATATCCATATAGGTGTCCAACTGAACCTTACCTC	982	
Qy	1031	GAGAAATTTATACAACGTAAATAATTTTGAACGCTCTTAATCTTAACCTTGAAATTCACCCA	1090	
Db	983	GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAACCTTCGAAAGAAAGCCCTTAATAATATATATAGC	1035	
Qy	1091	ATCTGCTATATATGAAATATATATTTTAACAGCTTCAGGGCTTATGATATTTTCAATTTTATAG	1155	
Db	1036	TTTCAATATCAAGAGATTCCTTAACAGTATGACCGCATTTATTAATCTATGCTGCTATCTT	1095	
Qy	1151	ATGAACCTATATTTTATACAATAAATGAAAGTATCGGAATCGTTATGTTGGTATTTGCGA	1211	
Db	1096	TTGAATTTTATGAAAAAGCGCAATCTCTCTATATATTTTTCACAGCATATATAT	1155	
Qy	1211	ATCGTAATAGATCTATCTT-ATGCTATGACAGGAACCTGAATTAATATATATATGAGAAAGAA	1266	
Db	1156	ATGTTTCAATTAACAACCTTGATATATATATCCAAATAATGATGTTTGGAAATCAACAT	1215	
Qy	1270	GGTCAACCAACAATACTTTAATACATTTGAAATCTTAAGTTTCAATGTATCT	1332	

Db	1216	GTACTGTATAATTAATAATCTCTGGTTTGGCAACAAATATTATTTATTTATTAAT	1275
Qy	1330	GATAGACAGACTACCTCCACTCTCCCTTCTCTACATATACCTTACATTAATCAAAAT	1389
Db	1276	GTCATTAAGCTTAGATAAATAATATCTAATATATATATATATATAGTAATAATGAAATTTT	1335
Qy	1390	GAACCTTAATTTAAATAATTCACCTAGTAAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTA	1449
Db	1336	TTTATTAATATATATGATCTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGACGAGATCTGGGCAATA	1395
Qy	1450	TCATAATGATAAAAAACAACCTGATTTTCAATTTCTCTGTAATAAAAAAGACTGTAAACAAAT	1509
Db	1396	ACTATGATGTAAATTAATAATATTTTGGGTTACCAATTTCTTAACCAAGAGAAATCA	1455
Qy	1510	ATTATATCCAAATGTTTATACCAAGCTATATATGTTATAGTCAATATTTATCCAGTTTCT	1569
Db	1456	GCAATCCCTTACCTTTTCCAAACATATGATATACATATCTCATATTTATATCTTTATTA	1515
Qy	1570	TTATTTATATATTCCTATTAATAATGGATATGCGCTAAATATATATATATATACAGTGCATTA	1629
Db	1516	AGCTTAGTATCC-----TGCACATATTAACCTCAAGTATATACGTTT	1560
Qy	1630	GGATGACACACAGATAGTATTATAGAAATATAGCAATATCAGATTAATAATTTACAATG	1689
Db	1561	GCTTGGACACACTGATGTTGATTCCTAAATAATCAATTTATACATTTATACCCAA	1620
Qy	1690	ATCCAGAAATCAAAAGGTACAGATCTTGATACAACTTAAGGTATTTGAAGGACCTGCT	1749
Db	1621	ATTCCAGTGTAAAGGCAATTCACCTGGGACCTGCTTCTTAAGGTGTTCAAGGACCTGCT	1680
Qy	1750	CATACAGAGAGAAACTTGCTTTATTTTACAAGTCAAGGCGCTTATAGATTAACATGTAGA	1809
Db	1681	CATACAGAGAGGAGTTTATTTGATTTTCAAAATCA-----TTTCAAAATTTACATGTCA	1734
Qy	1810	ACTCCTAATCTACACAATCTTATTTACATTAAGACTTGATACGTTACAAATGCTGTGA	1869
Db	1735	CACTCAAAATTTTCAACATCGTATTTTATTAAGAATTCGTATAGCTTCAAAATGGAAGGCA	1794
Qy	1870	AATATCTTCTCTAATATATCTCTTACATACCAAGAGTAAATAGGAATTCACCTCAACGA	1929
Db	1795	AATACACAGAGTGTATTAATCTTAATCTTAATCCCAAGGG--TAGCAAACTGGGTATGCA	1851
Qy	1930	CTCAACAACACTTTTCTGTACAAATATATATATTAACATACGAGATTTTGGGTAT	1989
Db	1852	CTCAACCCCACTTTTCTGTACAGATTAATACGAATTTAAATATTAAGATTTTCAAGTAC	1911
Qy	1990	TTCCAATTTCCAAGTACAGTAACATTAACCTTTAAATCGAAATATACATATTTATTTAT	2049
Db	1912	TTAAGAAATTTTCAACGAGGTGAATTTCTCCAATCAAAACATATCTCTGTGTTATAT	1971
Qy	2050	CGTCCAGATGAT---CAATTCAAATTTTATCATGTATTAATTAATTTGAATTTTATACAAAT	2106
Db	1972	CGTTGGAATGTATATACAAACAACAACAGTACTTATTTGATTAATAATTTGAATTTCTGCCAAT	2031
Qy	2107	ACTTCTCTGTACGCCAAATATAGAGAAAACAAAAATAGAACTATCCAAACAAAATA	2166
Db	2032	ACTCGTTCTATTAAGAGAGATTAAGAGAAACAAAATTTGAATCAAGTACAAATATATTT	2091
Qy	2167	AATACATTTTCACAAAATCATACAAAAATATCTTTAAATATAGAAAGCCAAACTATGAT	2226
Db	2092	AATACATTTTATGCAAAATCTATATAAAAAACCTTACAAATCAGAACTTACAGATTTATGAC	2151
Qy	2227	ATTGATTTA	2235
Db	2152	ATTAGTCAA	2160

RESULT 3
US-09-224-024-30
; Sequence 30, Application US/09224024
; Patent No. 6056953
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Leslie Hickie

APPLICANT: Jewel Payne
 TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
 TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests
 NUMBER OF SEQUENCES: 31
 CORRESPONDENCE ADDRESS:
 ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
 CITY: Gainesville
 STATE: FL
 COUNTRY: USA
 ZIP: 32606
 COMPUTER READABLE FORM:
 MEDIUM TYPE: Floppy disk
 COMPUTER: IBM PC compatible
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25
 CURRENT APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: US/09/224,024
 FILING DATE:
 CLASSIFICATION:
 PRIOR APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: 08/856,226
 FILING DATE:
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 NAME: Saliwanchik, David R.
 REGISTRATION NUMBER: 31,794
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:
 TELEPHONE: 904-375-8100
 TELEFAX: 904-372-5800
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 30:
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 LENGTH: 2061 base pairs
 TYPE: nucleic acid
 STRANDEDNESS: single
 TOPOLOGY: linear
 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 US-09-224-024-30

Query Match	9.9%	Score 221	DB 3	Length 2061
Best Local Similarity	49.4%	Pred. No 9	4e-36	
Matches 1090	Conservative 0	Mismatches 942	Indels 174	Gaps 13
Qy	14	ATAATAATGATAATGAGATTATCGATTCAAAAGATTATATCTTATCCCTTCAACGAATA	73	
Db	11	ATCAAAATTAAGAAATGAAATATGAAATATTCATATGCTCATCAATAGGTTTATGCAAGCTCA	70	
Qy	74	TTGATCATTTCAAGTACCCTTACACAAATATCCAAATCAACCTTACAAACCAATT	133	
Db	71	ATTAATCTTTCTAGATATCCATTAGCAAAATAGCCAAATCAACCATGAAAAACAGAAAT	130	
Qy	134	ACAAAGATGGGCTCAATATGTGTCAAGGAATACAAATATNGGATTAATTTGAGACAT	193	
Db	131	ACAAAGATGGGCTCAATATGTGTCAAGGAATATCAACAAATATGCGAATATGCGGGGAATT	190	
Qy	194	TTGCTAGTGTGATPACAAATGCTGCACTAGTAGTGACGGTACTATTTGATCCGGATCTGT	253	
Db	191	TTGTTAGTTCGAAACATATTTGGAAGTATGTGACGGTATTTATGTATGTAAGAACTATGT	250	
Qy	254	TAGCCGGTATPAGGTGGGCTCACTTATATPCCGACCGATAGGAATATATAGTGTCTATA	313	
Db	251	TAGAGGCTTTTGGTGGCCCC-----CTGTCTTAGCTGCAAGTA	286	
Qy	314	TAAATATCTTTTGGTACCTATATCACTGTCTTTTGGCCCGGGGAGACAGACAAAACAG	373	
Db	287	TAAATATCTTTTGGGACCTTTGTTGCCGATCTTTTGGGCAAGATCTGACCCCTG--CAATG	343	
Qy	374	TATGACACAAATTTATTAATATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTACAGAAAGCA	433	
Db	344	TTTGGCAGAGATTGTTAACATCTGGAGGAAGGCGCTATACAGAAATATGATTAATAACATTA	403	
Qy	434	TAAACAGCTPAAAGTTACAAACTTTAGAGAGATTAGACAAATATTTACAAAGCTATATA	493	

Db	404	TTAATGTACTACTT-----CTATCGTAACACCTATAAAAATCACTTGATTAATATC	457
Qy	494	CAGCATTTGATGATTGGAAAAATTAAAAAGCTACAGCTCTGGATTACCAACCAT	553
Db	458	AAGAATTTTTCGATTAATGGAGCCAGACGTAACACGCTAATGCTAAACAGTA--CAT	516
Qy	554	CAGCATTTACAACAGCTGCCCTTGACTCTTAAAAATACGTTTGAGAAATTTGCACATGATT	613
Db	517	GATCTCTTTACTACTTGAACCTATATATAGATAAAGATTGATATGTTTTAAAA-----	571
Qy	614	TTAATCGAANAATCTCGTTCCTCAACTTGAACTTATAAAAAGCTATTTACTACTATT	673
Db	572	-----ATAATGCTAGTATCGAATACCAACATCTCCCTGCAT	607
Qy	674	ATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAAATTTATTAACAACAAGCTGTAATTTGGCTGATG	733
Db	608	ATGCAAAATAGCTACTTGGACCTTGAATTTATTTAAACAGCTGCTACCTATTACATTA	667
Qy	734	AATGAAATGCAGATATACATCCTTCACAAATTGAACTTAATGCTGGAACATCAGATGACT	793
Db	668	TATGGCTGCAAAATCTAGGTATTAATCCAGATACCTTCAAT-----TCATCTAATTTACT	721
Qy	794	ATTATTAACCTTTTAAAAAAAATATACCTAAATATAGTAACATTTGTCGAATTCCTATA	853
Db	722	ATTCAGGCTATTTTAAACGTAATAATCAAGAAATATATGACTATGTATACAAAGTACA	781
Qy	854	GAGAAAGACTAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATAGATGAGATATATTATGATT	913
Db	782	ATGCGAGCTAAGTATGATATGAACTAATATCTAAGCAACATGGAATATGTTAATACTT	841
Qy	914	ATCGAAGATATATGACTATTACTGTAATTAGATCTATGCTCAATTTTCTTTTATGATA	973
Db	842	ACCGTTTGAAGATGACTTAACTGTTGATAGCTTATTTGCTAATTTTCCAAATTATGACC	901
Qy	974	TAAAGATACAAAGATTCATAGAAAGAAATAGTGGCAATTAAACCTGAATTACAAAG	1033
Db	902	CAGAAAAATA-----TCCAAATAGAGTTAAACTAATCTAACCTTACCAAG	943
Qy	1034	AAATTTATACAACTGAATAATTAATTTTGAACCGTCTACTTACCTTGAATTCACCCCAT	1093
Db	944	AAGTTTATACGAATGTTAATTCAGATACATTTAGAACATAACAGAACCTAGAA-----	996
Qy	1094	TCGCTATATAGGAATATTAATTTAAACAGCTCAGGGCTTAGTATTTTCATTTTATGATG	1153
Db	997	-----AATGATTAACTAGAAATCTCAATATTAATTTACTGGATTAACC	1039
Qy	1154	AACCTATATTTTATACAAAAATGAACGTAACGGAAATCGTTTAGTGGTATTCGGAATC	1213
Db	1040	AAGGCGCTTTTTCACAAAGAAATTCAGAACATTTCTTGATCTCTTATGATATTTTTCCT	1099
Qy	1214	GTAATATAGTACTATGCTATGCTACGACAGGAACCTGAATTAATATATAGAGAAAGAACAGGTC	1273
Db	1100	TTTACAGGTAAACCAATGGCTTTTACACATCTAATGATGATCGCAACATAATCTGGGAG	1155
Qy	1274	CACCCACAACAAAACTTTAAATACCATTGGAATCCCTATTAAGTTTCAATTGTAACGTGATA	1333
Db	1160	CGGTTTCATGACATATTAATTTCTCAAGACAATCCAAAGTATTTCTTTTATAGAAACA	1219
Qy	1334	GACAAATGACTCTACTCCCTTTTCCCTAATATACCTTTACAAATTAATCAATTGTAAC	1399
Db	1220	AACCTATATGATAGGTGCAAAATTTGCAGACATAGAGAGTACTCAGATTAATATATGAAA	1279
Qy	1394	TTTATTTTAAATTAATTCACCTAGTAAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTAATCTA	1455
Db	1280	TGATATTTTTTTCGATATGCAATGCAAGTAATTTTCGATATTCATCAATTCACAAATAGAAA	1333
Qy	1454	ATGATTAACAAAAACAATGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAAAGACTGTAAACCAATTATTA	1513
Db	1340	ATAATTTATAAAGAACTGATCTTATATATGATTCAAAACAAACATGAAAAAATAAAGAT	1399
Qy	1514	ATCCAAATTTGTTACCAAGCTATATAGTATATAGCATATTTTATCCAGTTTCTTTAT	1573
Db	1400	ATGTCATACCTCTATCGTATATAAAAACGATAAATTTATATATTTTC-----	1445

```

0Y 1574 TTAAATTAATTCCTAATAAAATTTGAGTTAAGCGCTAAATTAATTAATAATACAGGGGCAATTAGAT 1633
Db 1446 -----AGTAGTTAAGAGAAAGAGAGAGTTGATTAGTT 1480
0Y 1634 GGACACACAGAGAGGTTTAATTAAGAAATATGCAATATACAGATTAATAATTAACAATGATCC 1693
Db 1481 GGACACATCTAGAGTTGATTTCCAAATATCAATAGATTTAGATTAATACATCAACCAATCC 1540
0Y 1694 CAGCAATCAAAAGGTAACAGTCTTGATACAACTCTTAAGGTAATTTGAAGACCTGGTCATA 1753
Db 1541 ACGCTTAAAGCTTTGAGGTAAAGTTCTGATTCGAAAAATTTGCAAAAGGCTCTGGTCACA 1600
0Y 1754 CAGAGAGAACTGGTTTAATTTACAAAGTCAAGGCGCTTTAGAGATTAACATGTAGATCTC 1813
Db 1601 CAGGTGAGAGCTTGGTAATCTTTAAAGATATGATAGATTTTACAGTTAATTTTAAAA 1660
0Y 1814 CTAATTCACACATCTTAATTAACATTAAGCTTCGATCGATACGCTACAAATGAGCTGGAATA 1873
Db 1661 ATGTTTCTCGACAA---TATCAAGTAGGTATTCGTTATGCTACATAAGCTCCAAAGACA 1717
0Y 1874 CTCTTCCTAATATATCTCTTACAAATACAGAGTAATAGAAATACCACTTCACAGACTCA 1933
Db 1718 CAGTA--TTCTTAACCGGAATAGATTAATTAAGTGAAGTGAAGCTCCCTAGTACCACTTCCG 1775
0Y 1934 ACAACACTTTTCTGATGCAAAATTAATTAATAATTTACAAATGAGAGATTTGGGATTTCC 1993
Db 1826 CATTTCCAGAAAGCTTGCCAAATAAATCAATTTGAAGAGAGAAACACTTTATATAGACT 1885
0Y 2045 TTAATCGTGAGATGTATCAAAATCAATTTTAATCATTTGATTAATGAATTAATACCA 2104
Db 1886 TATATGTGACACCAATCATTTCAATATATATATATTTGACAAATATGAAATTTTATCCAA 1945
0Y 2105 TTACTTCCTCGTATGCGCAAAATGAGAAAAAGAAAAATTAAGAAATCATACCAACAAAA 2164
Db 1946 TCACATCATCTGTATTTAGATTATACAGAGAAACAAAAATATAGAAAAAACACAGAAAAATAG 2005
0Y 2165 TAAATACATTTTTCACAAATCATCAAAAAATATCTTTAAATATAGA 2210
Db 2006 TGAATGATTTATTTGTTAATTAACAAAGTCTTACTTAATAATAGA 2051

RESULT 4
PCT-US94-07902-30
: Sequence 30, Application PC/TUS9407902
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT:
: APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road
: APPLICANT: City: San Diego
: APPLICANT: State/Province: California
: APPLICANT: Country: US
: APPLICANT: Postal code/Zip: 92131
: APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-69931
: APPLICANT: Telex number:
: TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
: NUMBER OF SEQUENCES: 31
: CORRESPONDENCE ADDRESS:
: ADDRESSEE: David R. Salivanchik
: STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
: CITY: Gainesville
: STATE: FL
: COUNTRY: USA
: ZIP: 32606
: COMPUTER RELEASABLE FORM:
: MEDIUM TYPE: Floppy disk
: COMPUTER: IBM PC Compatible
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25

```

```

1      RESULT 4
2      PCT-US94-07902-30
3      ; Sequence 30, Application PC/TUS9407902
4      ; GENERAL INFORMATION:
5      APPLICANT:
6      APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road
7      APPLICANT: City: San Diego
8      APPLICANT: State/Province: California
9      APPLICANT: Country: US
10     APPLICANT: Postal code/Zip: 92121
11     APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030
12     APPLICANT: Tele number:
13     TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
14     TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests
15     NUMBER OF SEQUENCES: 31
16     CORRESPONDENCE ADDRESS:
17     ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
18     STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
19     CITY: Gainesville
20     STATE: FL
21     COUNTRY: USA
22     ZIP: 32606
23     COMPUTER READABLE FORM:
24     MEDIUM TYPE: Floppy disk
25     COMPUTER: IBM PC compatible
26     OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
27     SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25

```

CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 904-375-8100
TELEFAX: 904-372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 30:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 2061 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
PCT-US94-07902-30

Query Match 9.9%; Score 221; DB 6; Length 2061;
Best Local Similarity 49.4%; Pred. No. 9.4e-36;
Matches 1090; Conservative 0; Mismatches 942; Indels 174; Gaps 13;

QY 14 ATATATATGAAATGAGATTATCGATTCAAAAGATTATCTTATCTTCAACGAAATA 73
DB 11 ATCAAAATTAAGAAATGAAATATTCATGCTCCATCCAAATGGTTTAGCAAGTCTA 70
QY 74 TTGATCATCTAGATACCTTACACAAATATCCAAATCAACCTTACAAACCAAAATT 133
DB 71 ATAACTATTCTAGATATCCATTAGCAAAATAGCCAAATCAACCTGAAACCAAGCAATT 130
QY 134 ACAAGAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGGAATACAAATATGTGATTAATTTCCAGACAT 193
DB 131 ACAAGAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGGAATACAAATATGTGATTAATTTCCAGACAT 190
QY 194 TTGCTATGCTGATACAAATTTCTGCAATGATGACGATCAATTTGATCCGATCTGCT 253
DB 191 TTGCTATGCTGATACAAATTTCTGCAATGATGACGATCAATTTGATCCGATCTGCT 250
QY 254 TAGCCGATATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGAAATATAGTGTCTATA 313
DB 251 TAGGAGCTTTGCTGCTCC-----CTGCTTACCTGCAAGTA 286
QY 314 TAATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGCGGAGAAACAAGCAAAAAG 373
DB 287 TAATATCTTTTGGGACTTTGTGCGCATCTTTGGCAAGATCTGACCCG---CAATG 343
QY 374 TATGACACAACTTATTAATATGGAGAAATTTTGTGATACCGTTAACAGAAACA 433
DB 344 TTGCGCAGATTTGTTAAACATCGAGAGAGCCCTATACAGAAATATGATTAACATATA 403
QY 434 TAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTAGCAAAATTTTCAAAAGCTATATA 493
DB 404 TTAATGTACTACTT-----CTATCTTACACCTATTAATAAATCAACTGTATTAATATC 457
QY 494 CAGCATTAATGATTTGAGAAATTAATAAAGACTACAGCTCTGATTAACACCATCAT 553
DB 458 AAGAAATTTTTCGATTAATGGAGCAGACAGCTACACACGCTAATGCTAAAGCACTA-CAT 516
QY 554 CAGCATTAACAACAGCTGCTTGAATCTTAAATACGATTTGAGATGTTCACAATGATT 613
DB 517 GATCTCTTACTACTCTTAAGAACTATATATGATTAAGATTAATGATTAAATA----- 571
QY 614 TTAATGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACTTAAAGCTTAAAGCTTATCTACTATTT 673
DB 572 -----ATAATGCTACTATCGAATACCAACCTCCCTCAT 607
QY 674 ATGCGCAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAACAGCTGAAATTTGGCTGAT 733
DB 608 ATGACACAAATAGCTACTTTGGCACTTGAATTTATTAACATGCTGCTATATTAACAATA 667
QY 734 AATGGAATGACGATATATCTCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACT 793

DB 668 TATGGTGCAGAAATCAAGGATTAATTCAGATCTTTCAT-----TCATCTAAATTACT 721
QY 794 ATATATAACTTTTAAAGAAAT 853
DB 722 ATACAGGCTATTTTAAACGTAATAATACAGAAATATATATATATATATATATATATAT 781
QY 854 GAGAAAGACTAAATTAACCTTCCAAAGCAACTAATATGAGATGAGATATATTAATGATT 913
DB 782 ATCAGAGACTTAATGATATAGATTAAGATCTAATACCAACATGGAATATGATATATACTT 841
QY 914 ATGGAAGAT 973
DB 842 ACCGTTTGAAGAAAGCTTAACGTTGATCTTATATGCTATTTTCCAAATTAATGACC 901
QY 974 TAAAGAGATCAAAAGATTCAATAGGAATATAGTGGCAATTAATACTGAACCTTACAGAG 1033
DB 902 CAGAAAATTA-----TCCAATAGAGATTAATCTGAACCTTACACAGAG 943
QY 1034 AAATTTATACACTGAATTAATTTTACCGTCTTACTTACCTTGAATTTCAACCCAAATC 1093
DB 944 AAGTTATATGAAATGTTAATTCAGATACATTTTGAACCAATTAACAGAACTAGAA----- 996
QY 1094 TCCCTATATGAAATTAATTTTAAACGTTCAAGGCTTATGATTTTCAATTTTATGATG 1153
DB 997 -----AATGATTAACCTAGAAATCTTCAATTAATTTACTTGGATTAACC 1039
QY 1154 AACCTAATTTTATTAACAAAATTAAGAAACGTAACGGAATGTTTATGTTGATCCGAATC 1213
DB 1040 AAGGGCTTTTATACAGAGAAATTTCTGAGACATCTTATGATCTTATGATATTTTCTT 1099
QY 1214 GTAATGATCTACTTATATGCTACAGAGAACTGAATTAATATATATGAGAAAGAACAGTTC 1273
DB 1100 TTACAGTAAACGATAGGCTTTTACATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1159
QY 1274 CACCACAAACAAACCTTATATACATTTGAATCTTATTAAGTTTCAATTTGTAACGATTA 1333
DB 1160 CGGTTATGACATATATATTTTCTCAAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATATGAAACA 1219
QY 1334 GACAAATGCTCTACTCTCCCTTTTCTTAACATATATCTTAACTTAATCAATTAATCAAT 1393
DB 1220 AACTATATGATATAGTTCGAAATTTGTCAACATAGAGTACTAGATATATATATGAAA 1279
QY 1394 TTTATTTAAATTAATCACTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1453
DB 1280 TGAATATTTTTCGATATAGAGATGAAGTATTTTGAATATTCATCAATTAATTAATTA 1339
QY 1454 ATGATTAATAAATAACATGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGCTGTAACCAATTAATTA 1513
DB 1340 ATTAATTAATAAATAACATGATTTTCTATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1399
QY 1514 ATCCAAATGTTTACCAAGCTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1573
DB 1400 ATGCTACTACTATATGATATATTAATAAATGATATATATATATATATATATATATAT 1445
QY 1574 TTAATTAATCTTAATAATTTGATTAAGCGCTTAATATATATATATATATATATATAT 1633
DB 1446 -----AGTATTAAGAAAGAAAGAGTTGATTAAGTT 1480
QY 1634 GGAACACAGTATGTTTATATAGAAATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1693
DB 1481 GGAACACATCTATGTTGATTTCCAAATAATATATATATATATATATATATATATATAT 1540
QY 1694 CAGCAATCAAAAGTAAACGCTGATATACAAACCTTAAGGTAATTTGAAGAGCTGTCATTA 1753
DB 1541 ACGCTTAATAAGCTTTGAGAGTATGTTTGAATTTGAATAATTTGGAAGAGCTGTCACAA 1600
QY 1754 CAGAGGAAACTTGTATTTATTAACAAGTCAAGGCGTTTATAGATTAATTAATTAATTAAT 1813
DB 1601 CAGGTGGAAGCTTGTAATTTCTTAAGATATATATATATATATATATATATATATATAT 1660
QY 1814 CTATTTTACACATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1873

Db	1661	ATGTTTTCGACAA---TATCAAGTAGCTATTTCGTATGCTATGCTAAAGTCTCCAAAGACAA	1717
Qy	1874	CTCTTCCTAATATATCTTTACATATACAGAGATATAGAAATACACCTCAAGACTCA	1933
Db	1718	CAGTA--TTCTTAAACCGAATAGATACTATATAGTGTGAGCTCCCTAGTACACATTTCCG	1757
Qy	1934	ACAAACACTTTTTCGTGTACAAATATATATTAATTAACATACAGAGATTTGGGTATTTCC	1993
Db	1776	CGAAAC-----CGAATGCTACAGATTTAACATATGACGATTTTGATATGTAA	1825
Qy	1994	AATTTCCAGTAGT-----AACATTACCTTTAAATCGAAACATACCATTTATAT	2044
Db	1826	CATTTCCAGAAACAGTTCCAAATATAAACATTTGAAGGAAAGACCTTTAATATGACT	1885
Qy	2045	TTAAATCGTAGATGTATCAAAATTCATTTTAATCATTTGATTAATTAATTTATACCA	2104
Db	1886	TATATGTGTACCAAAATCATTCATATATATATATATATATGACAAATTCATTTATCCAA	1945
Qy	2105	TTACTCTCTGTGTACGCCAAATATAGAGAAAAACAAAAATTTGAAACTATCCAAACAAAA	2164
Db	1946	TCACCTCAATCTGTATTATGATTATACAGGAAGCAAAATATGAAAAAACACAGAAAAATAG	2005
Qy	2165	TAAATACATTTTTCACAAATCATTCAAAAAATACCTTTAAATATGGA	2210
Db	2006	TGAATGATTTATTTGTTAATTAATAACAAAGTCTTACTTAATATGGA	2051

```

1      RESULT 5
2      : Sequence 3, Application US/08315468
3      : Patent No. 5554534
4      : GENERAL INFORMATION:
5      : APPLICANT: Michaele, Tracy Ellis
6      : APPLICANT: Concertrada, Luis
7      : APPLICANT: Narva, Kenneth E.
8      : TITLE OF INVENTION: Process for Controlling Scarb Pester
9      : TITLE OF INVENTION: with Bacillus thuringiensis Isolates
10     : NUMBER OF SEQUENCES: 6
11     : CORRESPONDENCE ADDRESS:
12     : ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
13     : STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
14     : CITY: Gainesville
15     : STATE: FL
16     : COUNTRY: USA
17     : ZIP: 32606
18     : COMPUTER READABLE FORM:
19     : MEDIUM TYPE: Floppy disk
20     : COMPUTER: IBM PC compatible
21     : OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
22     : SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25
23     : CURRENT APPLICATION DATA:
24     : APPLICATION NUMBER: US/08/315,468
25     : FILING DATE:
26     : CLASSIFICATION: 424
27     : PRIOR APPLICATION DATA:
28     : APPLICATION NUMBER: US/08/014,941
29     : FILING DATE: 01 FEB 1993
30     : APPLICATION NUMBER: 07/828,430
31     : FILING DATE: 30-JAN-1992
32     : PRIOR APPLICATION DATA:
33     : APPLICATION NUMBER: 07/808,316
34     : FILING DATE: 16-DEC-1991
35     : ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
36     : NAME: Saliwanchik, David R.
37     : REGISTRATION NUMBER: 31,794
38     : REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA73.C2
39     : TELECOMMUNICATION INFORMATION:
40     : TELEPHONE: 904-375-8100
41     : TELEFAX: 904-372-5800
42     : INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:
43     : SEQUENCE CHARACTERISTICS:
44     : LENGTH: 3507 base pairs
45     : TYPE: nucleic acid
46     :

```

```

; STRANDEDNESS: double
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; HYPOTHETICAL: NO
; ANTI-SENSE: NO
; ORIGINAL SOURCE:
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; STRAIN: kumamotoensis
; INDIVIDUAL ISOLATE: 50C
; IMMEDIATE SOURCE:
; LIBRARY: lambdaGEM-11(tm) library of L. Foncerrada
; CLONE: 50C(b)
;
US-08-315-468-3

```

Query Match	Similarity	4.1%;	Score 92.6;	DB 2;	Length 3507;
Best Local	Similarity	44.7%;	Pred. No. 1.3e-09;		
Matches	Conservative	0;	Mismatches 784;	Indels	Gaps
Qy	579	TCTTAAATCGATTGAGATGTTCCAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCA	638		
Db	504	TGTTGGAATCGATTGAAATCCGAGATGATTTATTAACGAATATATGACATCTTTTCG	563		
Qy	639	ACTTGAATCTTATPAAACGCTATTACTACCTATTATTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATT	698		
Db	564	AGTACAAATTTTGAAATACCATTCCTTCAAGTATATACATGGCACAAACCTACATTT	623		
Qy	699	AAATTTTACCAAGAGTGTGTAATGGCTGATGATGATGAAATGACATATACATCTTC	758		
Db	624	ACTTTTATTAAGGACCGCATCAATTTTGGAGAAAGATCG-----	663		
Qy	759	ACAAATGAACCTATATGCTGGAACATGATGACTATATTAACCTTTAAAGAAATAT	818		
Db	664	-----GGATGTGCTTCAAGCACTATTAATTAATCTATATATGTCAAATATGAACCTTAC	716		
Qy	819	ACCTAATATATGATACATATGTCGAATATCCTATATAGGAAGACTAATAATACCTCGAA	878		
Db	717	TGCGAATATTTCTACACCTGTGTAAAGTGTATGAATCTGGTTAGCAAAATTTAAAGC	776		
Qy	879	CGAACCTAATATGAGATGAGATATATTTAAATGATATTCGAATATATGACTATATCTGT	938		
Db	777	CTCGAGGCGTAAACATATGATATGACTATTAACCAATTCGATAGAAATATGACATTTGACGT	836		
Qy	939	ATTGATATCTATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATTAAGATATCAAGATTTCAATAGC	998		
Db	837	GTTAGAGCTGTGGTCATTAATTTTCAACCTATGATACGCGTATCG-----ATCCACGTGC	890		
Qy	999	AAGATATGATGCTATTAATACTGAACCTTACAAAGAAATTTATCACTGAATATTAATTT	1058		
Db	891	AACAAACGCTACGTTTCAAGGAAAGTATATACGATTCACCTGGCGGTATGATGCGC	950		
Qy	1059	TGACCGTCTTATCTTACCTGAAATTCACCCCAATCTGCTATATATGGAATATTAATTTAAC	1118		
Db	951	TAAATATGGCTCCCGTATGACAAAGCACTTTCTTTCGAATATGAAAGCGGCTAT	1010		
Qy	1119	ACGTTCAAGGCTATGATTTATTTTATTTTATGATGAACCTATATTTTATCAAAAAATGA	1178		
Db	1011	TCGTCCACCTCATG---TGTTTGAATATATACGCGACTACAGTTTATACAAAAAACG	1067		
Qy	1179	AACGTACGGGATGTTTATGTTGTTATGCGAATCGTATAGATCTTATATGCTACGAC	1238		
Db	1068	TAGCTTCACT--TCGTATCGTTATATGATGATATTTGGCTGGTATCAATATATAGCTATAG	1125		
Qy	1239	AGGAATCTGAATTTATATGAGAAAGAACAGGTTCACCCACAAACAAATCTTATATATCC	1298		
Db	1126	CATATCGGTACGAGTATGACTCTTATACAGATGTATGAAACCAATCAAAATTTACAAAGT	1185		
Qy	1299	ATTGGAATCCATATGAATTTCAATTTGATGATGATGACAAATATCTCTATCTTCCCTTT	1358		
Db	1186	ACTGACATTTTGAATTTTGAAGATATGATATTTTACAAAGCTTATCAAAATGTGTACGAT	1245		
Qy	1359	TCTTAATCATATCTTATACATTAATCAAAATTTGAACCTTATTTAATATATTCACCTAGTA	1418		
Db	1246	CTCCTGATATATAGTTTACCTCGTTTATACGATATCAATTTTGGAAATGCCAAGAACCGAG	1305		

```

QY 1419 TAAATTACATTCACCTGGGGGAAATTATCTAATGATAAAAAACAATGATTTCA 1478
D 1306 TTTTATGTAATCAATGAAATATACGAAAGACGTTAAAGTAAACGAGCTTCC 1365
QY 1479 ATTCCGTAATAAAGACTGTAAACCAATATTAATCCAAATGTTTACCAACTTAA 1538
D 1366 AA---AGATTTATATATGCGACAGAGATTCGAAATTAAGATTCCTCCAGAACTTC 1421
QY 1539 TAGTTATAGTATATTTATCCAGTTTCTTTATTTAATATCTATTAATATGGATTT 1598
D 1422 AGGTCAACCAATATACAGATCATATACCATAGTTAGTATATTTACATTTATTTCTC 1481
QY 1599 AGGCTAATATATATATATACAGGTGATTAAGATGACACACAGTATGTTATAGAAA 1658
D 1482 CAGTTCAACTAGCACTATGATCTGATTTTCTTGACACATCGAGTGAAGATCTAAC 1541
QY 1659 TAATGCAATATCATTAATAATTAATACATGATCCGCAATGCAATGAAGTAAAGTCTTGA 1718
D 1542 AATATACGTTAAAGTGGCGAAATACCAATACAGGGGGCAAGTCTAGCACATAGG 1601
QY 1719 TACAACTTAAGTAATTTAGAGACCTGGTCATACAGAGAACTTGGTTATTTTACA 1778
D 1602 CAGAAATATCTTATATATTAATAAAGGCGTGTATACAGGGGAGACTTAAGTCTTTAC 1661
QY 1779 AAGTCAAGGCGTTTAAAGATTAATATGATGAACTCTTAATTTTACACAAATCTTATTAAT 1838
D 1662 GACCCGATCGAAGTGTGAGTTTCAGATGATCTTTCCAGAGTCAAGATTCGGTAT 1721
QY 1839 TAGACTGATAGCTCAAAATGCTGGAATAATCTTCTTAATATCTTAAAT 1898
D 1722 TCGATTCGTTACGCTTCTTAATGAACTAGTTATA-----TTAGTTT 1763
QY 1899 ACCAGAGTATAGAAATACCACTCAACGCTCAACAGACTTTTCTGGTCAAAATTA 1958
D 1764 ATACGAGCTAAACCAAGCGGAACTTTAAATTTCAACAGACATTTCTTAATTAATAATGA 1823
QY 1959 TAATATTTTCAATACGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTAACCTACC 2018
D 1824 AATATGATTTTAAATATATATGTTTCAATATATATGAAATATTCAGAGTCAATTTCAAGTAAA 1883
QY 2019 TTTAATTCGAAACATACATTTATTTAATTCGCGAGATGATCAATTTCAATTTAAT 2078
D 1884 TCGCTTCTTCAACATACAGAGTATCTATAGGTATTAACAACGAAATCAAAATTTATTTAT 1943
QY 2079 CATTGATTAATTTGAATTTTATACCAAT 2105
D 1944 TTTAGACGAATGCAATTTCAATCCAGT 1970

```

RESULT 6

```

US-08-349-867-22
; Sequence 22, Application US/08349867
; Patent No. 5508264
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Bradfisch, Gregory A.
; APPLICANT: Thompson, Mark
; APPLICANT: Schwab, George E.
; TITLE OF INVENTION: No. 5508264el Pesticidal Compositions
; NUMBER OF SEQUENCES: 34
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
; CITY: Gainesville
; STATE: FL
; COUNTRY: USA
; ZIP: 32606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:

```

```

; APPLICATION NUMBER: US/08/349,867
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 514
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Saliwanchik, David R.
; REGISTRATION NUMBER: 31,794
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MAB6
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 904-375-8100
; TELEFAX: 904-372-5800
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 3444 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; US-08-349-867-22

```

```

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

```

```

QY 586 ATACGATTTGAGAAATGTTCAATGATTTTATTCGGAATATCTGTTCCAACTTGA 645
D 388 ATTCGATTTGCTAATACAGACGCTTTAATTAACGACATTAATATTTTACACTTAC 447
QY 646 ACTTATTAACGCTATTTACTTATTTATGCGCAAGTGTATTTTCAATTTAATTTA 705
D 448 AGTTTGAATATCCCTTTTATATGCTATATGTTTCAAGCGGCAATTTTACATTTAT 507
QY 706 TTAACAACAGGTGCTAATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 765
D 508 TTAAGAGACGCTGATGCTTTTGGGAGGCTGGGAGCTGATGATGATGATGATGAT 567
QY 766 GAACCTAATGCTGAACATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 825
D 568 C-----ATTATTAATGATTTAATCTTTATCTTATGAA 600
QY 826 TATAGTATATTTGTCAAATACCTATAGAGAAAGACTAATTAATCTGAAACGAACCT 885
D 601 TATACGAACATTTGTTGACACATCAATCAAGATTTGAAACCTTAAGAGTACTAAT 660
QY 886 AATATGAGATGAGTATTTAATGATTTATGAAATATATGATGATGATGATGATGAT 945
D 661 ACTGCAATAGGCGAAGATTCATGATTTAGGAGAGATTTAACACTTACTGATTAAGAT 720
QY 946 ACTATGCTCAATTTTCTTTTATGATTAATGAAGTAA 983
D 721 ATGTTGCTCTTTTTCGAACATGATGTTAGAACTATA 758

```

RESULT 7

```

US-08-349-867-26
; Sequence 26, Application US/08349867
; Patent No. 5508264
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Bradfisch, Gregory A.
; APPLICANT: Thompson, Mark
; APPLICANT: Schwab, George E.
; TITLE OF INVENTION: No. 5508264el Pesticidal Compositions
; NUMBER OF SEQUENCES: 34
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
; CITY: Gainesville
; STATE: FL
; COUNTRY: USA
; ZIP: 32606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

```

SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/349,867
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 514
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86
TELEPHONE: 904-375-8100
TELEFAX: 904-372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3444 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-349-867-26

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

```
QY 586 ATACGATTGGAAGTTCACAGATGATTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGA 645
DB 388 ATTCGATTGCTAATACAGACGCGTTAATACAGAAATTAATTTTACACTTACA 447
QY 646 ACTTATAAAGCGTATCTACTACTATTATTCGCGAAGCTGCTAATTTTCATTAATT 705
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGTCTATGTTCAAGCGGGAATTTACATTATACATA 507
QY 706 TTACAACAAGTGTGGAATGGCTGATGATGAATGAATGAGATATACATCTTCACAA 765
DB 508 TTAAGAGACGCTGATGCTTTGGGAGGTTGGGAGCTGATATGCTACTGTTATAT 567
QY 766 GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATCTATTATTAACCTTTTAAAGAAATTA 825
DB 568 C-----ATTATTAATGATTAATTAATCTTATTCATGAGA 600
QY 826 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTAATTAACCTCGAAACGAC 885
DB 601 TATACGAACATGTTTGGACATACATCAAGATTTAGAAACTTAAGAGTACTAT 660
QY 886 AATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATCGAAGATATGATGATTAATGAT 945
DB 661 ACTGCAATATGGGCAAGATTCATCAGTTTAGAGATTAACTTACTGATATGAT 720
QY 946 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 983
DB 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACGATGTTAGAACATA 758
```

RESULT 8
US-08-239-476-22
Sequence 22, Application US/08239476
Patent No. 5527883
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Thompson, Mark
TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in
TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens
NUMBER OF SEQUENCES: 34
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: Florida
COUNTRY: USA
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/239,476
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83
TELEPHONE: (904) 375-8100
TELEFAX: (904) 372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3444 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-239-476-22

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

```
QY 586 ATACGATTGGAAGTTCACAGATGATTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGA 645
DB 388 ATTCGATTGCTAATACAGACGCGTTAATACAGAAATTAATTTTACACTTACA 447
QY 646 ACTTATAAAGCGTATCTACTACTATTATTCGCGAAGCTGCTAATTTTCATTAATT 705
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGTCTATGTTCAAGCGGGAATTTACATTATACATA 507
QY 706 TTACAACAAGTGTGGAATGGCTGATGATGAATGAATGAGATATACATCTTCACAA 765
DB 508 TTAAGAGACGCTGATGCTTTGGGAGGTTGGGAGCTGATATGCTACTGTTATAT 567
QY 766 GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATCTATTATTAACCTTTTAAAGAAATTA 825
DB 568 C-----ATTATTAATGATTAATTAATCTTATTCATGAGA 600
QY 826 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTAATTAACCTCGAAACGAC 885
DB 601 TATACGAACATGTTTGGACATACATCAAGATTTAGAAACTTAAGAGTACTAT 660
QY 886 AATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATCGAAGATATGATGATTAATGAT 945
DB 661 ACTGCAATATGGGCAAGATTCATCAGTTTAGAGATTAACTTACTGATATGAT 720
QY 946 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 983
DB 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACGATGTTAGAACATA 758
```

RESULT 9
US-08-239-476-26
Sequence 26, Application US/08239476
Patent No. 5527883
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Thompson, Mark
TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in
TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens
NUMBER OF SEQUENCES: 34
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: Florida
COUNTRY: USA
ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/239,476
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: M83
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (904) 375-8100
TELEFAX: (904) 372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3444 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-239-476-26

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 586 ATAGATTGGAGATGTTTCAGACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGAA 645
DB 388 ATTCGATTGCTAATACAGACGACGCTTAAATACAGAAATTAATTTTACCTTACA 447
QY 646 ACTATATAAAGCTATTACTACTATTATTCGCAAGCTGCTAAATTTTCAATTAATTA 705
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTTATCGCTATGTTTCAAGGGCGCAATTTACATTTATCACTA 507
QY 706 TTACAACAAGTGTGAATGCTGATGATGAAATGCAATGATATACATCTCTTCAAAATT 765
DB 508 TTAAAGACGCTGATGCTTGGGCAAGGCTTGGGACATGATATAGTACTGTTAATAT 567
QY 766 GAACCTATGCTGAACATCAGATGACATATTAATTAACCTTTTAAAGAAAATATACCTTAA 825
DB 568 C-----ATTATATAGATTAAATAAATCTTATTCATAGA 600
QY 826 TATAGTAATCTATTGTGCAATATACCTATAGAGAAGACTAAATTAACCTTGAAGAACT 885
DB 601 TATACGAAACATTTGTTGACACATACATCAAGATTGAAACTTAAAGGTAAT 660
QY 886 AATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGCAAGATATATGACTATTAATCTGATTAAT 945
DB 661 ACTGCAATGAGGCAAGATCAATCACTTAGAGAGATTTAACTTACTGATTAATGAT 720
QY 946 ACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 983
DB 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTAGATGTTGAACATA 758

RESULT 10
US-08-598-305A-22
Sequence 22, Application US/08598305A
Patent No. 5827514
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: BRADFISCH, Gregory A.
APPLICANT: THOMPSON, Mark
APPLICANT: SCHWAB, George E.
TITLE OF INVENTION: No. 5827514el Pesticidal Compositions
NUMBER OF SEQUENCES: 38
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Saliwanchik, Lloyd & Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: FL

COUNTRY: USA
ZIP: 32606-6669
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentin
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/598,305A
FILING DATE: 08-FEB-1996
CLASSIFICATION: 514
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 08/349,867
FILING DATE: 06-DEC-1994
CLASSIFICATION: 514
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Sanders, Jay M.
REGISTRATION NUMBER: 39,355
REFERENCE/DOCKET NUMBER: M86.D1
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 352-372-5800
TELEFAX: 352-375-8100
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3444 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-598-305A-22

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 586 ATAGATTGGAGATGTTTCAGACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGAA 645
DB 388 ATTCGATTGCTAATACAGACGACGCTTAAATACAGAAATTAATTTTACCTTACA 447
QY 646 ACTATATAAAGCTATTACTACTATTATTCGCAAGCTGCTAAATTTTCAATTAATTA 705
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTTATCGCTATGTTTCAAGGGCGCAATTTACATTTATCACTA 507
QY 706 TTACAACAAGTGTGAATGCTGATGATGAAATGCAATGATATACATCTCTTCAAAATT 765
DB 508 TTAAAGACGCTGATGCTTGGGCAAGGCTTGGGACATGATATAGTACTGTTAATAT 567
QY 766 GAACCTATGCTGAACATCAGATGACATATTAATTAACCTTTTAAAGAAAATATACCTTAA 825
DB 568 C-----ATTATATAGATTAAATAAATCTTATTCATAGA 600
QY 826 TATAGTAATCTATTGTGCAATATACCTATAGAGAAGACTAAATTAACCTTGAAGAACT 885
DB 601 TATACGAAACATTTGTTGACACATACATCAAGATTGAAACTTAAAGGTAAT 660
QY 886 AATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGCAAGATATATGACTATTAATCTGATTAAT 945
DB 661 ACTGCAATGAGGCAAGATCAATCACTTAGAGAGATTTAACTTACTGATTAATGAT 720
QY 946 ACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 983
DB 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTAGATGTTGAACATA 758

RESULT 11
US-08-598-305A-26
Sequence 26, Application US/08598305A
Patent No. 5827514
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: BRADFISCH, Gregory A.
APPLICANT: THOMPSON, Mark
APPLICANT: SCHWAB, George E.
TITLE OF INVENTION: No. 5827514el Pesticidal Compositions

NUMBER OF SEQUENCES: 38
CORRESPONDENCE ADDRESSES:
ADDRESS: Saliwanchik, Lloyd & Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: FL
COUNTRY: USA
ZIP: 32606-6669
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/598,305A
FILING DATE: 08-FEB-1996
CLASSIFICATION: 514
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 08/349,867
FILING DATE: 06-DEC-1994
CLASSIFICATION: 514
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Sanders, Jay M.
REGISTRATION NUMBER: 39,355
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86.D1
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 352-375-8100
TELEFAX: 352-372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3444 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-598-305A-26

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;
QY 586 ATACGATTTGAGAAATGTTCACAATATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAA 645
DB 388 ATTGATTTTGGTAATACAGACGAGCGCTTTAATAACGAAATTAATTTTACACTTACA 447
QY 646 ACTTATTAACGCTATTACTATCTATTATTCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTA 705
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGGTCTATGTTCAAGCGGGAATTTACATTATCACTA 507
QY 706 TTACAACAAGTGTGATTTGGCTGATGAATGGAATGAGATATACATCCCTTCACAAATT 765
DB 508 TTAAGAGACGCTGATATCGTTGGGCGAGGTGGGACTGATATAGCTACGTTAATATAT 567
QY 766 GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACTATTATTAATCTTTAAAGAAATATACCTTAA 825
DB 568 C-----ATTATTAATGATTAATTAATCTTTATTCATGA 600
QY 826 TATAGTAATCTATTGCAAAATACCTATAGAGAGACTAAATTAACCTTGAAGCAACT 885
DB 601 TATAGAAACATTTGTTGACACATACATCAAGATTAGAAAACCTTAAGAGGTACTAAT 660
QY 886 AATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGAGATATAGCACTTACTGATTAAT 945
DB 661 ACTGACAAATGGGCAAGATTCATATCAGTTTAGAGAGATTTAACCTTACTGATTAAT 720
QY 946 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 983
DB 721 ATCGTTGCTCTTTTCCGAACTACAGATGTAGAAACATA 758

RESULT 12
US-08-639-923A-22
Sequence 22, Application US/08639923A

Patent No. 5840554
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Thompson, Mark
APPLICANT: Schwab, George E.
TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in
TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens
NUMBER OF SEQUENCES: 38
CORRESPONDENCE ADDRESSES:
ADDRESS: David R. Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: Florida
COUNTRY: USA
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/639,923A
FILING DATE: 24-APR-1996
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 08/239,476
FILING DATE: 06-MAY-1994
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83.D1
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (904) 375-8100
TELEFAX: (904) 372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3444 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-639-923A-22

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;
QY 586 ATACGATTTGAGAAATGTTCACAATATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAA 645
DB 388 ATTGATTTTGGTAATACAGACGAGCGCTTTAATAACGAAATTAATTTTACACTTACA 447
QY 646 ACTTATTAACGCTATTACTATCTATTATTCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTA 705
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGGTCTATGTTCAAGCGGGAATTTACATTATCACTA 507
QY 706 TTACAACAAGTGTGATTTGGCTGATGAATGGAATGAGATATACATCCCTTCACAAATT 765
DB 508 TTAAGAGACGCTGATATCGTTGGGCGAGGTGGGACTGATATAGCTACGTTAATATAT 567
QY 766 GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACTATTATTAATCTTTAAAGAAATATACCTTAA 825
DB 568 C-----ATTATTAATGATTAATTAATCTTTATTCATGA 600
QY 826 TATAGTAATCTATTGCAAAATACCTATAGAGAGACTAAATTAACCTTGAAGCAACT 885
DB 601 TATAGAAACATTTGTTGACACATACATCAAGATTAGAAAACCTTAAGAGGTACTAAT 660
QY 886 AATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGAGATATAGCACTTACTGATTAAT 945
DB 661 ACTGACAAATGGGCAAGATTCATATCAGTTTAGAGAGATTTAACCTTACTGATTAAT 720
QY 946 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 983

Db 721 ATCGTGTCTTTTCCGAACTAGAGTGTAGAACATA 758

RESULT 13

US-08-639-923A-26

Sequence 26: Application US/08639923A

Patent No. 5840554

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Thompson, Mark

APPLICANT: Schwab, George E.

TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in

TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens

NUMBER OF SEQUENCES: 38

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: David R. Saliwanchik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1

CITY: Gainesville

STATE: Florida

COUNTRY: USA

ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/639,923A

FILING DATE: 24-APR-1996

CLASSIFICATION: 435

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US 08/239,476

FILING DATE: 06-MAY-1994

CLASSIFICATION: 435

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Saliwanchik, David R.

REGISTRATION NUMBER: 31,794

REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83.D1

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (904) 375-8100

TELEFAX: (904) 372-5800

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 3444 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

US-08-639-923A-26

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;

Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;

Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 586 ATACGATTTGAGATGTTCAAAATGATTTTATTTGAGAAATACCTGTTTCAACTTGA 645

Db 388 ATTGATTTGCTAATACAGACGCTTTAATAACAGAAATTAATTTACACTTACA 447

QY 646 ACTATATAACGCTATTACTATTATTTATGCGAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTA 705

Db 448 AGTTTGAATCCCTCTTTTATCGGTCTATGTTTCAAGCGGGAATTTACATTATCACTA 507

QY 706 TTACAACAAGTGTGATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 765

Db 508 TTAGAAGACGCTGATGCTTTTGGGAGGGTTGGGAGCTGATATAGCTACTTAAATAT 567

QY 766 GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATCTATATATACTTTTAAAGAAATATACCTTAA 825

Db 568 C-----ATTATATAGATTAAATTAATCTTATTCATAGA 600

QY 826 TATAGTAATCTATTTGCAAAATACCTATAGAGAGAACTAATAAATCGAAAGAACT 885

Db 601 TATAGAAACATTTGTTGGAACATACATCAAGGATTAGAAACTTAAAGGATCTAAT 660

QY 886 AATATAGATGAGATTAATTAATGATTTATGAAATATATGACTATCTGATTAGAT 945

Db 661 ACTGACAAATGGGCAAGATTCATCACTTAGAGAGATTATACCTTACTGATTAGAT 720

QY 946 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATA 983

Db 721 ATCGTGTCTTTTCCGAACTAGAGTGTAGAACATA 758

RESULT 14

PCT-US95-05431-22

Sequence 22: Application PC/TUS9505431

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT:

APPLICANT: Street address: 5501 Oberlin Drive

APPLICANT: City: San Diego

APPLICANT: State/Province: California

APPLICANT: Country: US

APPLICANT: Postal code/zip: 92121

APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991

APPLICANT: Telex number:

TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in

TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens

NUMBER OF SEQUENCES: 34

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: David R. Saliwanchik

STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1

CITY: Gainesville

STATE: Florida

COUNTRY: USA

ZIP: 32606

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

COMPUTER: IBM PC compatible

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: PCT/US95/05431

FILING DATE:

CLASSIFICATION:

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Saliwanchik, David R.

REGISTRATION NUMBER: 31,794

REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (904) 375-8100

TELEFAX: (904) 372-5800

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 3444 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA (genomic)

PCT-US95-05431-22

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 6; Length 3444;

Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;

Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 586 ATACGATTTGAGATGTTCAAAATGATTTTATTTGAGAAATACCTGTTTCAACTTGA 645

Db 388 ATTGATTTGCTAATACAGACGCTTTAATAACAGCAATTAATTTTACACTTACA 447

QY 646 ACTATATAACGCTATTACTATTATTTATGCGAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTA 705

Db 448 AGTTTGAATCCCTCTTTTATCGGTCTATGTTTCAAGCGGGAATTTACATTATCACTA 507

QY 706 TTACAACAAGTGTGATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 765

Db 508 TTAGAAGACGCTGATGCTTTTGGGAGGGTTGGGAGCTGATATAGCTACTTAAATAT 567

QY 766 GAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATCTATATATACTTTTAAAGAAATATACCTTAA 825

Db 568 C-----ATTATATAGATTAATAATCTTATTCATAGA 600
Qy 826 TATAGTACTATTTGCAAAATACCTATAGAGAAAGACATAAATTAACCTCGAAAGAACT 885
Db 601 TATAGCAAACTTTGTCGACATACATCAAGAGATTAGAAAATTAAAGGCTACTAAT 660
Qy 886 AATATGAGATGAGATATATATGATTAATGCAAGATATATGACTATCTGATTAAT 945
Db 661 ACTGACAAATGGCAAGATTCATACAGTTTAGAGAGATTTAACACTTACTGATTAAT 720
Qy 946 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATATAAGATA 983
Db 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACGATGTAGAACATA 758

RESULT 15
PCT-US95-05431-26Sequence 26, Application PC/TUS9505431
GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Street address: 5501 Oberlin Drive
APPLICANT: City: San Diego
APPLICANT: State/Province: California
APPLICANT: Country: US
APPLICANT: Postal code/Zip: 92121
APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991
APPLICANT: Tele number:
TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in
TITLE OF INVENTION: Pseudomonas fluorescens
NUMBER OF SEQUENCES: 34
CORRESPONDENCE ADDRESSES:
ADDRESSEE: David R. Salivanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: Florida
COUNTRY: USA
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: PCT/US95/05431
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Salivanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (904) 375-8100
TELEFAX: (904) 372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3444 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
PCT-US95-05431-26

Query Match 3.6%; Score 79.6; DB 6; Length 3444;
Best local similarity 53.3%; Pred. No. 5.8e-07;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

Qy 586 ATAGATTGGAATGTCACAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAA 645
Db 388 ATTCATTTGCTAATACAGACAGCGCTTAATACAGCAATTAATTTTACACTTACA 447
Qy 646 ACTTATAAAGCTATTACTATCTATTATGCGCAAGCTGAATTTTCATTTAAATTTA 705

Db 448 AGTTTGAAATCCCTCTTTTATCGGTCTATGTTCAAGCGGCAATTTACATTATCACTA 507
Qy 706 TTACAAGAAGTGTGAATTTGGCTGATGAAATGGAATGCAATATACATCTTCAAAAT 765
Db 508 TTAAGAGACGCTGATGCTTTGGCAGGTTGGGAACTGATATAGCTACTGTTAATAT 567
Qy 766 GAACCTATGCTGGAAATCAGATGATCTATTATTAACCTTTTAAAGAAATATATACCTAAA 825
Db 568 C-----ATTATATAGATTAATAATCTTATTCATAGA 600
Qy 826 TATAGTACTATTTGCAAAATACCTATAGAGAAAGACATAAATTAACCTCGAAAGAACT 885
Db 601 TATAGCAAACTTTGTCGACATACATCAAGAGATTAGAAAATTAAAGGCTACTAAT 660
Qy 886 AATATGAGATGAGATATATATGATTAATGATTAATGCAAGATATATGACTATCTGATTAAT 945
Db 661 ACTGACAAATGGCAAGATTCATACAGTTTAGAGAGATTTAACACTTACTGATTAAT 720
Qy 946 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATATAAGATA 983
Db 721 ATCGTGTCTTTTTCGAACTACGATGTAGAACATA 758

Search completed: December 22, 2005, 00:14:58
Job time : 401.056 secs

1867

768 107

Db 660 ATATCTTCAGAGAGTGTGCTGAATTTTATCATAGACAACTTAACAACAATA 719
Qy 828 TAGTAATCTATGTCGAATACTTATAGAGAGACTAAATTAATCTGGAACGAACCTAA 887
Db 720 CACTGACCATTTGTGTTAATGTAATAGTTGGATTAATGTTAAAGAGTTCACTTA 779
Qy 888 TATGAGATGAGATATATTAATGATATCGAAGATATATGACTATTACTGTATTAGATAC 947
Db 780 TGATGATGGGTCAAAATTTAAACCTTTTCGACAGAAATGACTTAAGTATTAAGATCT 839
Qy 948 TATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATTAACAAAG 989
Db 840 AATGTACTTTCCCATTTATATGATTCGGTTACTCAAA 881

RESULT 2

US-11-192-801-3
; Sequence 3, Application US/11192801
; Publication No. US20050273882A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Romano, Charles P.
; TITLE OF INVENTION: Improved Expression of Cry3Bb Insecticidal Protein in Plants
; FILE REFERENCE: 38-21(15304) Cry3Bb Improved Exp. Corn
; CURRENT FILING DATE: 2005-07-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/232,665
; PRIOR FILING DATE: 2002-08-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/377,466
; PRIOR FILING DATE: 1999-08-19
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 43
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 1959
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)..(1956)
; OTHER INFORMATION: naturally occurring nucleotide sequence encoding a
; OTHER INFORMATION: Cry3Bb amino acid sequence
US-11-192-801-3

Query Match 3.2%; Score 72.4; DB 7; Length 1959;
Best Local Similarity 52.0%; Pred. No. 0.00024;
Matches 209; Conservative 0; Mismatches 166; Indels 27; Gaps 1;

Qy 588 ACGATTGGAAGTTCAGATGATTTTATTCGGAATAACCTGGTTCCACTTGAAC 647
Db 507 ACTTTTTCACAGCAAGAGTCAATTCGTAATTCACCGTCATTTGCAATTCCAA 566
Qy 648 TTATTAACGCTATTACTTACTTATTAATGCGAAGTGTCTAATTTCAATTAATTTAT 707
Db 567 ATTGGAAGTGTCTTTTACCAACATATGCAAGAGTGCATTAATCACTTTATGCTATT 626
Qy 708 ACAACAAGTGTGAATTTGCTGATGATGGAATGCAATATACCTTCACAAATGA 767
Db 627 AAAAGATGCTCAAGTTTGGAGAAGATG-----GG 659
Qy 768 ACCTAATGCTGGAACATCAAGTACTATATTAACCTTTTAAAGAAATATATCTAATA 827
Db 660 ATATCTTCAGAAATGTTGCTGAATTTTATCATAGACAACTTAACGCAACATA 719
Qy 828 TAGTAATCTATGTCGAATACTTATAGAGAGACTAAATTAATCTGGAACGAACCTAA 887
Db 720 CACTGACCATTTGTGTTAATGTAATAGTTGGATTAATGTTAAAGAGTTCACTTA 779
Qy 888 TATGAGATGAGATATATTAATGATATCGAAGATATATGACTATTACTGTATTAGATAC 947
Db 780 TGATGATGGGTCAAAATTTAAACCTTTTCGACAGAAATGACTTAAGTATTAAGATCT 839
Qy 948 TATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATTAACAAAG 989
Db 840 AATGTACTTTCCCATTTATATGATTCGGTTACTCAAA 881

RESULT 3

US-11-121-086-105/c
; Sequence 105, Application US/11121086
; Publication No. US2005026459A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES
; FILE REFERENCE: 09138.6000-00000
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121,086
; CURRENT FILING DATE: 2005-05-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570
; PRIOR FILING DATE: 2004-05-04
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 105
; LENGTH: 171486
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
US-11-121-086-105

Query Match 3.2%; Score 71.8; DB 7; Length 171486;
Best Local Similarity 44.1%; Pred. No. 0.00069;
Matches 580; Conservative 0; Mismatches 717; Indels 18; Gaps 6;

Qy 925 ATGACTATTAATCTGATTAAGTACTATCGGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATAC 984
Db 17682 ATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17623
Qy 985 AAAGATTCATATGAGAAATAGGTGCAATTA--AACTGAACCTTACAAGAAATTTATAC 1043
Db 17622 ATATATTTATATATATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17563
Qy 1044 AACTGAATTAATTTGACCGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1103
Db 17562 ATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17503
Qy 1104 GGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1163
Db 17502 TCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 17450
Qy 1164 TTATTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1223
Db 17449 CTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17390
Qy 1224 TACTTATGCTACAGACAGAACTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1283
Db 17389 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17330
Qy 1284 AAAAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1343
Db 17329 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17270
Qy 1344 TCCCTACTCCCTCTTCTTCAATATATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1403
Db 17269 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17210
Qy 1404 TAAATCACTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1463
Db 17209 TCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 17150
Qy 1464 AAGACGATTTTCATTTCCGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1523
Db 17149 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 17094
Qy 1524 TTATCAAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1583
Db 17093 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17034
Qy 1584 CTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1643

Db 17033 CATATATAAATACAAATATATATCTATCATATATAATATACAAATATATTTATAT 16974
Qy 1644 TAGGTTAATAGAAATATATGCAATATCGATPAAATATTTACATAGATCCAGCAATCA 1703
Db 16973 ATCTATCATATATAATATATACAAATATATTTATATATATCTATCATATATAATATACAA 16914
Qy 1704 AGGTAAACAGCTGTGATACAAACTCTAAGGTAAATGAGAGACCTGGTCACTACGAGAGAA 1763
Db 16913 ATATATTTATATATATCTATCATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 16854
Qy 1764 CTGGTTATTTTACAAAGTCAGGCGTTAGAGATTAATGTAGAACTCTTAATTTCTAC 1823
Db 16853 TAT 16794
Qy 1824 ACAATCTATATACATTAAGCTTCGATAGCTPACAAATGGTGTGAAATCTCTTCTCA 1883
Db 16793 AATATGTAATGAT 16734
Qy 1884 TATATCTCT--TACATATCCAGAGTAAATAGGAATACCACTCAAGCACTCAACAACT 1941
Db 16733 TATATTTAT 16674
Qy 1942 TTTTCTGTACAAAT 2001
Db 16673 TAT 16614
Qy 2002 AGTACAGTACATTAACCTTTAATGAAACATACCATTTATATTTAATCGGCA-GATGT 2060
Db 16613 TAT 16554
Qy 2061 ATCAATCAATTTAATCATTTAATGAAATGAAATTTAATCAATTACCTCTCGTACG 2120
Db 16553 AT 16494
Qy 2121 CCAAAATAGAG--AAACAAAAATTTAGAACTATCCAAACAAAAATATATATATATAT 2177
Db 16493 AT 16434
Qy 2178 CACAAATCATACAAAAATCTTTAATATATAGAGCCCAAACTATGATTTGAT 2232
Db 16433 TAAAT 16379

RESULT 4
US-11-121-086-25/c
; Sequence 25, Application US/11121086
; Publication No. US20050266459a1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES
; FILE REFERENCE: 09138, 6000-00000
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121, 086
; PRIOR FILING DATE: 2005-05-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567, 570
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 25
; LENGTH: 173602
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
US-11-121-086-25

Query Match 3.2%; Score 71.4; DB 7; Length 173602;
Best Local Similarity 42.5%; Pred. No. 0.00081;
Matches 551; Conservative 0; Mismatches 736; Indels 8; Gaps 3;

Qy 867 ATATAGATGAGAT 946
Db 137315 AT 137256
Qy 947 CTATGCTCAATTTCTTTTAT 1006

Db 137255 AT 137196
Qy 1007 GTGCAATTAACAACTGAACTTACAAAGAGAAATTTATACAACTGAAATTAATTTGACGCTC 1066
Db 137195 AT 137136
Qy 1067 TTACTTACCTGAAATTAACCAACCAATCGCGTATATATATATATATATATATATATATATAT 1126
Db 137135 AT 137076
Qy 1127 GGCCTTACCTGAAATTTTCAATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1186
Db 137075 GTAT 137016
Qy 1187 GGAATCGTTAGTGTATATGCGAATCGTAATATATATATATATATATATATATATATATAT 1246
Db 137015 AT 136956
Qy 1247 AAATTAAT 1306
Db 136955 TAAAT 136896
Qy 1307 CCFATTAAGTTTCAA-TTGTATCTGATAGCAAGTAACTCTTACCTCCCTTTTCTTAAC 1365
Db 136895 TAT 136836
Qy 1366 ATATATCTTACAAATTAATCAATTTGAACCTTATATATATATATATATATATATATATAT 1425
Db 136835 AT 136776
Qy 1426 ACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1485
Db 136775 AT 136716
Qy 1486 GTAAAAAAGACGTGAACCAAT 1545
Db 136715 TAAAT 136656
Qy 1546 AGTCATATTTTATCCAGTTTCTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1605
Db 136655 TAT 136596
Qy 1606 AAT 1665
Db 136595 AAT 136536
Qy 1666 ATATCAGATTAAT 1725
Db 136535 AT 136476
Qy 1726 TCTAAGGTAATGGAAGACCTGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1785
Db 136475 TTAT 136416
Qy 1786 GGGCGTTAGAGATTAATGATGAGATCTCTAATTTCTACACATCTTATTTACATTTAGACTT 1845
Db 136415 TAT 136356
Qy 1846 CGATACGTACAAA-----TGTGCTGGAATATCTCTCTAATATATCTCTCAATATATATAT 1899
Db 136355 AT 136296
Qy 1900 CCAGAGATTAATGGAATATCAACCTCAACGACTCAACAACTTTTCTGTACAAATTTAT 1959
Db 136295 TTAT 136236
Qy 1960 AATATATTTACATACGAGATTTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAATGATGATCACTTACCT 2019
Db 136235 AT 136176
Qy 2020 TTAATCGAAACATACATTTATATAT--TAAATCGAGATGTATCAAAATTTCAATTTTATAT 2078

[illegible]

RESULT 5
US-11-058-727-51

```

Sequence 51, Application US/11058727
Publication No. US20050261483v1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Andre R. Abad
APPLICANT: Ronald D. Flannagan
APPLICANT: Rafael Herrmann
APPLICANT: Theodore W. Kahn
APPLICANT: Albert L. Lu
APPLICANT: Billy Fred McCutchen
APPLICANT: James K. Prenail
APPLICANT: James F.H. Wong
APPLICANT: Cao-Guo Yu
TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Peptidicidal
TITLE OF INVENTION: Activity
FILE REFERENCE: 35718/287809
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
CURRENT FILING DATE: 2005-02-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 51
LENGTH: 2031
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1)...(2031)
US-11-058-727-51

```

Query Match	3.0%;	Score 66.2;	DB 7;	Length 2031;
-------------	-------	-------------	-------	--------------

Best Local Similarity 47.5%; Pred. No. 0.0029;
Matches 467; Conservative 0; Mismatches 438; Indels 78; Gaps 6;

Oy	2	TGAATCAAAATTAATTAATGAATATGAGATTACGATTCAAAAGATTATCTATCCTT	61
Db	2	TGAGTCCAAATTAATCAAAATGATATGAAATTTATATGATGCGACCTTCTACTTCTGAT	61
Oy	62	CTAA CAGAAATATGATCATTTCTGATATCCCTTACACAAATATATCCAATCAACCATATAC	121
Db	62	CCAA-----TGATTTCAACGATATCCCTTTTGCGAATGAGCGCAAAATGGCGTAC	112
Oy	122	AAAAACAATTTACAAAGAATGCGCTCAATATATGTGTCAAGGGATATACAAATATGGTGATA	181
Db	113	AAAATATGATGATTTATAAATATTATTTAAAAATGTCTGCGGAAATGCTATGATATACCTTG	172
Oy	182	ATTTCGAGACATTTGCTAGTGCTGTATACAAATTTGCTGACGATTAGTACGAGTACTATTTGAT	241
Db	173	GTTCACTCGAAGTACTTGTTAGCGGACA--GATGACGCTTAGGCGCGCAATTGATATAG	229
Oy	242	CCGGTACTCTGTTAGCCGGTATAGGTGGGCTCATCTTCTATATCCGACCGATAGGATATA	301
Db	230	TAGGTAAATTACTATCAAGTTTAGGGGTCC-----ATTGG	265
Oy	302	TAGTGTATATATATATCTTTTGGTACCTTAATCATCTGTCTTTTGGCCCGGGAGAAC	361

Dp	266	TTGGGCGCATTAGAGAGCTCTTTATCTCAACTTATGATNTCTGTGGCCTTCAGGGGAA- 324
Qy	362	AAGACAAAACGATATGACACAACTTATTTAAATGGGAAATTTTGTGTATCACCGT 421
Dp	325	----AAGGTCAAATGGGAAATTTTATGGAACAAGTGAAGAACTATTCATCAAAAAA 379
Qy	422	TAAAGAAAAGCATTAATAACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGAGTTATGACAAATATTAC 481
Dp	380	TACAGAAATATGCAAGAAATTAAGGCTTTGGAAATTGAAAGATTAGTATATATACC 439
Qy	482	AAAGCTATATACAGACTTATGATGATGGAAGAAATTAATAAGACTACAAAGCTTCGAT 541
Dp	440	AATTAATCTCACTGGCTTGAAAGATGGAAAGAAATCCATTCGAATGGAAGTAGTT 499
Qy	542	TACACCAATCATCAGATTACAAACAAGCTGCCTGACTCTAAATTCGATTTGAGATG 601
Dp	500	TAATAGTTCCTCGGCGACCTTAGAGANG-----TGGAAATCGATTGAATTC 550
Qy	602	TTCCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTGTTCCACTTGAACCTTATTAACGCTAT 661
Dp	551	TGAGATGTTTATTTACGCAATATATGCCATCTTTTAGAGTACAAATTTGAAATACAT 610
Qy	662	TACTACTTATTTATGGGCAAGTGTCTATTTTCATTTAAATTTATACACAAGTGTCTG 721
Dp	611	TCTTACTGTATATGCAATGATGCAAGCAACCTTCATTTACTGTATTTAAAGACCGCTCAA 670
Qy	722	AATGGCTATGATGGAATGAGATGAGATATACATCTTCACAATTTGAACCTTATCTGGAA 781
Dp	671	TTTTTGGAGAAAGATG-----GGATGTCAACAACATA 703
Qy	782	CATCAGATGACTTTTATTAACCTTTAAAAAATAATATCCTAAATATATGTAATATTGTG 841
Dp	704	CTATTATATACATTATATGATTCGTCAAAAGAAACTTACGCAAGAAATATTCGATCACTGTG 763
Qy	842	CAAAATCCTATGAGAAGACTTAATTAACCTTCGAAACGAACCTAATATGATGAGAGTA 901
Dp	764	TAAAGGTGATGAACTGTTTAGCAAAATTTAAAGGACGACGCGCTTAACATGGGTTG 823
Qy	902	TATTTAATGATTTATCGAAGATATATGACTATTTACTGTATGATATCTATCGCTCAATTTT 961
Dp	824	ACTATTAACCAATTCCTGTAGAGAAATGACATGCGGTTTATGATGTTGTGCTATATTC 883
Qy	962	CTTTTATGATTTAAAGATAC 984
Dp	884	CAATTTATGACACGCACTTAC 906

RESULT 6

US-11-058-727-83
; Sequence 83, Application US/11058727

```

, GENERAL INFORMATION:
, APPLICANT: Andre R. Abad
, APPLICANT: Ronald D. Flanagan
, APPLICANT: Rafael Herrmann
, APPLICANT: Theodore W. Kahn
, APPLICANT: Albert L. Lu
, APPLICANT: Billy Fred McCutchen
, APPLICANT: James K. Presnall
, APPLICANT: James F.H. Wong
, APPLICANT: Cao-Guo Yu
, TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Peestical
, TITLE OF INVENTION: Activity
, FILE REFERENCE: 35718/287809
, CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
, CURRENT FILING DATE: 2005-02-15
, PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
, PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
, PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
, PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
, PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
, PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
, NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
,

```

[illegible]

```

QY 362 AAGACAAACAGATGACACAAATTATTAATGGGAAATTTTGTGATACACCGT 421
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 325 -----AAGAGTCATGGGAAATTTTATGAAACAAGTGAAGAACTATTATCAAAAA 379
QY 422 TAACGAAAGATTAACAGCTAAAGTTACAAACTTTTGAAGATTGACAAATATTAC 481
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 380 TAGAGAAATATGCAAGAAATAACCGCTTTGGAATTAAGAGATTAGTAAATATACC 439
QY 482 AAGCTATTAATACAGCATTTAGATGATGGAGAAATTTAAAGAATAACAGCTCCTGAT 541
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 440 AATTATATCTAATCGCGTTGAGAAATGGAGAAAGAAATCCATTTCGAGTGAAGTGT 499
QY 542 TACCAACATCATGACATTTACACAAGCTGCTTGAATTTAAATGATTTGAGATG 601
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 500 TAAATGGTCCCGCCAGCTTTACGAGATG-----TGCGAATCGATTTGAAATCC 550
QY 602 TTTCAGATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACCTTAATAACGCTAT 661
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 551 TGGATGATTTATTTACGAAATATATGCGATCTTTAGATGACAAATTTTGAAGTACAT 610
QY 662 TACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTTATTTTACAAAGATGCTG 721
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 611 TCCTTACTGATATGCAATGAGCAAGCAACCTTCAATTTCTGTTATTAAGACGCGTCA 670
QY 722 AATTGCTGATGAATGGAATGCAATATACATCCTTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGAA 781
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 671 TTTTGGAGAAATG-----GGAATGTCACAACTA 703
QY 782 CATGAGATGATTTATTAATCTTTTAAAGAAATATCTAATATATGTAATGATG 841
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 704 CTATTAATACTATTAATGATGTCAAAGAACTTACGCAAAATTTGATGATCAGTGT 763
QY 842 CAATACCTATAGAAAGAACTTAATTAACCTTCAAGAACTAATATGATGAGATG 901
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 764 TAAAGTGATAGAACTGTTTGAAGAAATTTAAAGACAGAGCTTAACAAATGGGTG 823
QY 902 TATTAATGATTAATGGAATATATGACTATTAATGATTAATGATTAATGCTCAATTTT 961
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 824 ACTATTAACCAATTCCTGTAAGAAATGACATGCGGTTTATGATGTTGTCATTAATCC 883
QY 962 CTTTATGATTAATTAAGATATC 984
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 884 CAATTAATGACACGACGATAC 906

```

RESULT 8

```

US-11-108-389-83
; Sequence 83, Application US/11108389
; Publication No. US20050261188A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Andre R. Abad
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Prensail
; APPLICANT: James F.H. Wong
; APPLICANT: Cao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal
; TITLE OF INVENTION: Activity
; FILE REFERENCE: 35718/291049
; CURRENT FILING DATE: US/11/108,389
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 2005-04-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0

```

```

; SEQ ID NO 83
; LENGTH: 2031
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1) ... (2031)
US-11-108-389-83

Query Match          3.0%; Score 66.2; DB 7; Length 2031;
Best Local Similarity 47.5%; Pred. No. 0.0029;
Matches 467; Conservative 0; Mismatches 438; Indels 78; Gaps 6;

QY 2 TGAATCAAAATTAATTAATGAAATATGAGATTAATGATTCGAAATTAATCTTATCCTT 61
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 2 TGAATCAAAATTAATTAATGAAATATGAGATTAATGATTCGAAATTAATCTTATCCTT 61
QY 62 CTAAAGAAATATTTGATCTATGATACCTTACCAAAATTAATCCAAATCAACATTTAC 121
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 62 CCAA-----TGAATTCACAGATACCTTTTGCATGAGCAACAAATGCGCTAC 112
QY 122 AAAACAAATTAACAAAGATGCTCAATATGTCGCAAGGAAATACAAATATGATGATA 181
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 113 AAATATGATTTATTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 172
QY 182 ATTTGAGACATTTGCTAGTGTGATACAAATGCTGCAATGATGACGATTAATGAT 241
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 173 GTTACACCTGAAGTACTTGTAGCGGACAA---GATCAGCTTAAGCGCGCAATTAATGAT 229
QY 242 CCGTACTCTGTTAGCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 301
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 230 TAGGTAAATTAATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 265
QY 302 TAGGTGATTAATTAATTAATCTTTTGTGATACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGCGGAAAC 361
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 266 TTGGCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 324
QY 362 AAGACAAACAGATGAGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 421
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 325 -----AAGAGTCATGGGAAATTTTATGAAACAAGTGAAGAACTATTATCAAAAA 379
QY 422 TAACGAAAGATTAACAGCTTAAGTTACAACTTTTGAAGATTGACAAATATTAC 481
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 380 TAGAGAAATATGCAAGAAATAACCGCTTTGGAATTAAGAGATTAGTAAATATACC 439
QY 482 AAGCTATTAATACAGCATTTAGATGATGGAGAAATTTAAAGAATAACAGCTCCTGAT 541
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 440 AATTATATCTAATCGCGTTGAGAAATGGAGAAAGAAATCCATTTCGAGTGAAGTGT 499
QY 542 TACCAACATCATGACATTTACACAAGCTGCTTGAATTTAAATGATTTGAGATG 601
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 500 TAAATGGTCCCGCCAGCTTTACGAGATG-----TGCGAATCGATTTGAAATCC 550
QY 602 TTTCAGATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACCTTAATAACGCTAT 661
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 551 TGGATGATTTATTTACGAAATATATGCGATCTTTAGATGACAAATTTTGAAGTACAT 610
QY 662 TACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTTATTTTACAAAGATGCTG 721
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 611 TCCTTACTGATATGCAATGAGCAAGCAACCTTCAATTTCTGTTATTAAGACGCGTCA 670
QY 722 AATTGCTGATGAATGGAATGCAATATACATCCTTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGAA 781
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 722 AATTGCTGATGAATGGAATGCAATATACATCCTTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGAA 781
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 782 CATCAGATGATTAATTAATCTTTTAAAGAAATATCTAATATATGATTAATGATG 841
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 704 CTATTAATACTATTAATGATGTCAAAGAACTTACGCAAAATTTGATGATCAGTGT 763
QY 842 CAATACCTATAGAAAGAACTTAATTAACCTTGAAGCAACCTTAATATGATGAGATG 901
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 764 TAAAGTGATAGAACTGTTTGAAGAAATTTAAAGACAGAGCTTAACAAATGGGTG 823

```


Qy 902 TATTAAATGATTATGAGATATATGACTTATCTGATTAATGATCTATGCTCAATTT 961
 Db 824 ACTATTAACCAATTCGCTGAGAAATGACACTGCGGCTTTTGAATGTTGCTGATTAATCC 883
 Qy 962 CTTTATGATATTAAGAGATAC 984
 Db 884 CAAATTAATGACACGACGCTAC 906

RESULT 9 US-11-058-727-39

; Sequence 39, Application US/11058727
 ; Publication No. US20050261483A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Andre R. Abad
 ; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
 ; APPLICANT: Rafael Herrmann
 ; APPLICANT: Theodore W. Kahn
 ; APPLICANT: Albert L. Lu
 ; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
 ; APPLICANT: James K. Prensall
 ; APPLICANT: James F.H. Wong
 ; APPLICANT: Cao-Guo Yu
 ; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal
 ; TITLE OF INVENTION: Activity
 ; FILE REFERENCE: 35718/287809
 ; CURRENT FILING DATE: US/11/058,727
 ; PRIOR FILING DATE: 2005-02-15
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
 ; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
 ; SEQ ID NO 39
 ; LENGTH: 2028
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis* (mutated)
 ; FEATURE:
 ; NAME/KEY: CDS
 ; LOCATION: (1)...(2028)
 ; US-11-058-727-39

Query Match 2.9%; Score 65; DB 7; Length 2028;
 Best Local Similarity 47.5%; Pred. No. 0.0047;
 Matches 467; Conservative 0; Mismatches 435; Indels 81; Gaps 6;

Qy 2 TGAATCAAAATATATATATGATATGAGATTATGATTCAAAAGATTATCTTATCCTT 61
 Db 2 TGAGTCCAAATATATGAAATATGAAATATATGATGCGACCTTCTATCTCTGAT 61
 Qy 62 CTAAAGAAATATGATCTATGATCCCTTACACAAATATCAATCAACATAC 121
 Db 62 CCAA-----TGATCTAACATATACCTTTGCAATGAGCAACAAATGCGCTAC 112
 Qy 122 AAAACACAAATATCAAAAGTGGCTCAATATGTCTCAAGGAATACACAATATGCTGATA 181
 Db 113 AAAATATGATTTAAAGATTTTAAATATCTCGCGGAAATCTATGTAATACCTG 172
 Qy 182 ATTTGAGACATTTGCTAGTGTCTGATACAAATGCTGCAAGTTAGTCAAGTACTATTTGAT 241
 Db 173 GTTCACTGAAATGATCTTGTATGCGGACAA---GATGACGCTAAAGCCGCAATGATATAG 229
 Qy 242 CCGTACTCTGTAGCCGGTATAGGTGCGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGGAATTA 301
 Db 230 TAGGTAATTAATCAAGTTTAGGGGTCC-----ATTG 265
 Qy 302 TAGGCTATATTAATATCTTTTGTACCCCTATACATCTCTTTTGGCCCGCGGAGAAC 361
 Db 266 TTGGCCCGATAGTGTCTTTATCTCAACTATGATATCTGTGCGCTTACGAGGAA- 324

Qy 362 AAGCAAAACGATATGACACAAATTTATTAATGAGGAATTTTGTGATACACCGT 421
 Db 325 -----AAGATCAATGGGAAATTTTATGGAACAATGAGAACTCATTAATCAAAA 379
 Qy 422 TAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATATTAC 481
 Db 380 TAGCAGATATGCAAGGAATTAACGCTTTCGAAATTAAGAAATTAATTAATTAAC 439
 Qy 482 AAAGCTATATACGCAATGATGATTTGAGAAAATTAAGAACTCAAGCTCTGAT 541
 Db 440 AATTATATCTAACGCGCTTGAAAGAAATGGAAGAAATTCATTTGAAATGAGCTTTC 499
 Qy 542 TACCACCATCATGACATTAACAACAGCTGCTTGAATTAATGATTTGAGATG 601
 Db 500 GAAGTCAGGTCCAGCTTACGAC-----TGCGAAATGATTTGAAATCC 547
 Qy 602 TTCAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTTCAACTGAAACTTATTAACGCTAT 661
 Db 548 TGATATGTTTATTAACGAATATATGCAATCTTTAGAGTACAAATTTGAAATGACAT 607
 Qy 662 TACTACTATTTATGCGCAAGCTCTTAATTTCTATTAATTTATTAACAAGTGTG 721
 Db 608 TCTTACTGATATGCAATGACAGCAACCTTCAATTAATGTTTAAAGACGCTCA 667
 Qy 722 AATTGCGTGAATGGAATGCAATATACATCTTCAAAATTAATGAACTTAATGCTGAA 781
 Db 668 TTTTGGAGAAATGCG-----GATGTCACAACTA 700
 Qy 782 CATGATGATCTATTTATTAACCTTTAAAGAAATATACCTTAATATATGATATG 841
 Db 701 CTATTAATTAATTAATGATGTCATTAAGAAATCTTACGCAATATCTGATACCTG 760
 Qy 842 CAAATACCTATGAGAGACTTAATTAATCTTCAAAACCACTTAATATGATGAGATA 901
 Db 761 TAAAGGTATGAATCGTTTACCAAAATTAAGGACGAGGCTTAACAAATGCGTGG 820
 Qy 902 TATTAAATGATTATGGAATATATGATATGATCTATGATTAATGATGCTCAATTT 961
 Db 821 ACTATTAACCAATTCGCTGAGAAATGACACTGCGGCTTTTGAATGTTGCTGATTAATCC 880
 Qy 962 CTTTATGATATTAAGAGATAC 984
 Db 881 CAAATTAATGACACGACGCTAC 903

RESULT 10 US-11-058-727-71

; Sequence 71, Application US/11058727
 ; Publication No. US20050261483A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Andre R. Abad
 ; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
 ; APPLICANT: Rafael Herrmann
 ; APPLICANT: Theodore W. Kahn
 ; APPLICANT: Albert L. Lu
 ; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
 ; APPLICANT: James K. Prensall
 ; APPLICANT: James F.H. Wong
 ; APPLICANT: Cao-Guo Yu
 ; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal
 ; TITLE OF INVENTION: Activity
 ; FILE REFERENCE: 35718/287809
 ; CURRENT FILING DATE: US/11/058,727
 ; PRIOR FILING DATE: 2005-02-15
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
 ; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
 ; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
 ; SEQ ID NO 71

```

? LENGTH: 2028
? TYPE: DNA
? ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
? FEATURE:
? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (1) ... (2028)
? US-11-058-727-71

```

Query Match	2.9%	Score 65;	DB 7;	Length 2028;
Best Local Similarity	47.5%;	Pred. No. 0.0047;		
Matches 467;	Conservative 0;	Mismatches 435;	Indels 81;	Gaps 6

QY	2	GAATTC	AAAAATTAATTAATGAAATATGATTAATGATTAATCAAAAGAAATTAATTCCTT	61
Db	2	TGAATC	CAAAATTAATTAATGAAATTAATGAAATTAATGAAATGCGACCTTCTACTTCTGAT	61
QY	62	CTAACAGAAAATATGATCATTTCTAGATATACCCCTTACACAAATATATCCAAATCAACATTAAC	121	
Db	62	CCAA-----T	ATCTAAAGATATACCTTTTGCGAATGAGCGCAAAATATGGGCTAC	112
QY	122	AAAAACAATTAACAAGATGAGCTCAATATGTCGAAGGAAATACAAATATGGTGATA	181	
Db	113	AAAATATGATTAATTAAGATTAATTAATAATGTCGCGGAAATCTAGTAATACCTG	172	
QY	182	ATTTCGAGACATTTGCTGATGCTGATTAACAATTGCGAGTTGATGTCAGAGTACTATATGAT	241	
Db	173	GTTCACTGAAATCTTGTATGCGGACA--GATCGAGTAAAGCGCAATTAATGATATAG	229	
QY	242	CCGGTACTCTGTATGACCGGTATAGGTGGAGCTCACTTATATCCGGAACGATAGGAATATA	301	
Db	230	TAGTAATTAATCTATCAGTTTATGGGGTCC-----ATTTG	265	
QY	302	TAGTGTCTAATAATATATCTTTGGTACCTTATATCATCTGCTTTTGGCCCGGAGAAAC	361	
Db	266	TTGGGCCCATATGATGATCTTTATCTCAACTTAATGATATTCGTGGCCCTTACAGGGAA-	324	
QY	362	AAGACAAACAGTATGAGACAACTTAATTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACAGCT	421	
Db	325	-----A	AGATCAAGGAAATTTTATGAGAACAGTAAAGAAACCTAATTAATCAAAAAA	379
QY	422	TAACAGAAAGATTAATAACAGCTTAAGATTACAACCTTGAAGAGATTTAGACAAATATTAC	481	
Db	380	TAGCAGATATGCAAGAAATAAAGGCTTTCGGAATTAAGATTAAGTATTAATTAATAC	439	
QY	482	AAAGCTAATAACAGCATTAATGATGATGAGGAAATTTAAAAAGACTACAAGCTCCTGAT	541	
Db	440	AATTAATCTAATCGCGCTGGAAGATGGAGAAATATCATTTCGAAGTCAGGTTTTC	499	
QY	542	TACCAACCATCATCAGCATTAACAACAAGCTGCTTGACTTTAAATATGATTTGAAATG	601	
Db	500	GAACTCGAGGTCCAGCCTTACAGA-----T	GTGGAAATCGATTTGAAATCC	547
QY	602	TTCACAATGATTTTATTCGAGAAATATACCTGTTCCTCAACTTGAACCTTATAAAGGCTAT	661	
Db	548	TGGAATGTTTATTTTACGAAATATATGCAATCTTTTAGATGCAAAATTTTGAATGATCCAT	607	
QY	662	TACTACTAATTATGACGCAAGCTGTAAATTTTCATTTAATTTATTAACAACAAGGTGCTG	721	
Db	608	TCTTACTGTATATGATCAATGAGCAACCTTCATTTACTGTTATTAAGACGCGTCAA	667	
QY	722	AATTGGCTGATGAAATGGAATGCAATATACATCTTCACAAATTGAACCTTAATGCTCGAA	781	
Db	668	TTTTTGGAGAAAGAAATG-----G	AGATGTCACAACTTA	700
QY	782	CATCAGATGACATATATACTTTTAAAAAATAATATACCTAATATATGATACTATTTGG	841	
Db	701	CTATTTAATATCTATTATGATGCTCAAAATGAACTTAATGCAAAATATTTCTGATCACTGTG	760	
QY	842	CAAAATACCTATAGAGAAAGACTAAATTAACCTTCGAACGAACCTAATATAGATGAGAGTA	901	
Db	761	TAAAGTGTATGAAACGTGTTTAGCAAAATTTAAAGGACGAGCGGTAAACAATGGGCTTG	820	
QY	902	TATTTAATGATTAATGAAATATATGATCAATTAATCTGATTAATGATTAATCTATGCTCAATTTT	961	

Db 821 ACTATATACCAATTCCTCGTGGAGAAATGACACTCGCGGTTTATGATGTTGTCATTATTTCC 880
 QY 962 CTTTTATGATATTAAGAGATTC 984
 Db 881 CAAATTATGACACGCGACTTC 903

RESULT 11
IIS-11-108

```

? Sequence 39, Application US/111108389
? Publication No. US20050261188A1
? GENERAL INFORMATION:
? APPLICANT: Andre R. Abad
? APPLICANT: Ronald D. Flannagan
? APPLICANT: Rafael Herrmann
? APPLICANT: Theodore W. Kahn
? APPLICANT: Albert L. Lu
? APPLICANT: Billy Fred McCutchen
? APPLICANT: James K. Presnall
? APPLICANT: James F.H. Wong
? APPLICANT: Cao-Guo Yu
? TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pepticidal
? TITLE OF INVENTION: Activity
? FILE REFERENCE: 35718/291049
? CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389
? CURRENT FILING DATE: 2005-04-18
? PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
? PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
? PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
? PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
? PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
? PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
? NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
? SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
? SEQ ID NO 39
? LENGTH: 2028
? TYPE: DNA
? ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
? FEATURE:
? NAME/KEY: CDS
? LOCATION: (1)...(2028)
? US-11-108-389-39

```

Query Match	2.9%;	Score 65;	DB 7;	Length 2028;
Best Local Similarity	47.5%;	Pred. No. 0.0047;		
Matches 467;	Conservative	0;	Mismatches 435;	Indels 81;
				Gaps 6

Qy	2	TGAATCAAAATTAATAATATGAATTTGAGATTTTCAGATTCACAAATTTATCTTACCTT	61
Db	2	TGAGTCCAAATATACAAATGAAATVGAATTTATAGATGACACCTTTCTACTTCGTAT	61
Qy	62	CTAACGAAATATTTGATCATTTCTAGATACCTCTACCAAAATTAATCCAAATCAACATTAC	121
Db	62	CCAA-----TGATTTCTAACGATATCCCTTTTGGGAATGAGCCCAAAATGCGGTAC	112
Qy	122	AAAACCAAAATTACAAAGATGGCTCAATATATGTGTCAAGGAAATACAAATATGTGATA	181
Db	113	AAATATGAGATTATAAAGATTATTTAAAAATGTCTGGGGAAATGTGATGAATACCTG	172
Qy	182	ATTTCGAGCAATTTGTCTAGTGTCTGATACAAATTTGCTGCAAGTTAGTGCAGGATCTATTGTAT	241
Db	173	GTTCACCTGAAGTACTTTGTAGCCGACAA---GATGCAAGCTMAAGCCGCAATTGATTTAG	229
Qy	242	CGGTACTCGTTTAGCCGATATAGGTGGGCTCACTTCTATATCGGACCGATGGAATTA	301
Db	230	TAGGTAAATTACTATAGGTTTATGGGGTCC-----ATTTG	265
Qy	302	TAGGTCTATTAATATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGGAGAAC	361
Db	266	TTGGGCGGATGAGAGTCTTTTATCTCAACTTATGATATTTCTGTGGCTTCAGGGGAA-	324
Qy	362	AAGACAAAACGATATGACACAAATTTATTAATATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCT	421

```

Db      325  -----AAGAGTCAATCGGAAATTTTATTTATTTGGAACAAGTATGAAGAACTCATTAATCAAAAA 379
Qy      422  TPAACGAAAGCATTAACAAACAGCTAAAGTTACAAACTTTAGAGAGATTTAGACAAATATAC 481
Db      380  TAGCAGATATATGCAAGAAATAAAGCGCTTTCCGAATTAGAGAGATTTAGTAATATATACC 439
Qy      482  AAAGTATATATACAGCATTTAGTGAATTTGAGAGAAAATTTAAAAAGACTACAAAGCTCCGAT 541
Db      440  AATTATATCTAATCCTCGCTTGAAGATGGAGAAATATCATTTTCAGAGTCAGAGTTTC 499
Qy      542  TACCAACCATCATCAGCATTTACAAACAGCTGCGCTTGACTCTTAATAATACGATTTGAGATG 601
Db      500  GAAATCGAGGCTCAGCTTACAGAG-----TGTGGAAATTCGATTTGAAATCC 547
Qy      602  TTCACAATGATTTTATTTTCAGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACCTTATTAACGCTAT 661
Db      548  TGGATAGTATTATTTACGCAATATATGCCATCTTTAGATGACAAATTTGAAAGTACAT 607
Qy      662  TACTACCTATTTATGCGGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAACAGTGCTG 721
Db      608  TCCTTACTGTATATCATTAATGACAGCCAACTTCATTTACTGTATTAAAGAGCGCTCA 667
Qy      722  AATTGCTGATATATATGATATGAGATATACATCCTTCAAAATTTGAACCTAATCGTGGAA 781
Db      668  TTTTGTGAGAAAGATGG-----GGATGCTCAACAACTA 700
Qy      782  CATCAGATGACATTAATTAACCTTTTAAAGAAAATATACCTAATATATAGTAATTTGTG 841
Db      701  CTATTATATACATTTATATGATCGTCAAAATGAAACTTACTGAGATATTTCTGATCATCTG 760
Qy      842  CAAATACCTATAGAGAGGACTTAATTAACCTTCGAAACGAACCTAATATAGATGAGATA 901
Db      761  TAAATGTGATGAACATCGTTTAGCAAAATTAAGGACGAGCGCTAAACAAATGGGTTG 820
Qy      902  TATTTAATGATATATGGAATATATGACTATTAATCTGATTAAGTACTATGCTCAATTT 961
Db      821  ACTATACCAATTCGCTAGAGAAATACACATGCGGCTTTTAGATGTGTGCTATATTCC 880
Qy      962  CTTTATATGATATTAAGAGATAC 984
Db      881  CAAATTAATGACACAGCAGCTAC 903

RESULT 12
US-11-108-389-71
; Sequence 71, Application US/11108389
; Publication No. US20050261188A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Andre R. Abad
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Presnail
; APPLICANT: James F. H. Wong
; APPLICANT: Cao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal
; TITLE OF INVENTION: Activity
; FILE REFERENCE: 35718/291049
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389
; CURRENT FILING DATE: 2005-04-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 71
; LENGTH: 2028

```

Query Match	2.9%	Score 65;	DB 7;	Length 2028;
Query	Similarity 47.5%	Pos. 0.0047;	Mismatches 435;	Indels 81; Gaps 6
Db	Conservative			
TYPE: DNA ORGANISM: <i>Bacillus thuringiensis</i> (mutated) FEATURE: NAME/KEY: CDS LOCATION: (1) ... (2028) US-11-108-389-71				
Query	2	TGAATCAAAATAATATATATGATGATTCATCAAGAATTTATCTTACCTT	61	
Db	2	TGAGTCCAAATATCAAAATATATGAAATTTATGATGCGACACCTTCTACTTCTGAT	61	
Query	62	CTAACAGAAATATTTGATCATTTCTAGATACCTTACACAAATATATCAACATCAACATTAC	121	
Db	62	CCAA-----TGATTCTAACAGATACCTTTTGGCAATGAGCCAAATATGGGCTAC	112	
Query	122	AAAAACAAATTAACAAAGAGTGCTCAATATGTGTCAAGGGAATACAAATATGGTGATA	181	
Db	113	AAATATATGATTAATAAGATTTATTTAAAAATGTCTGCGGGAATCTAGTGAATACCTCG	172	
Query	182	ATTTCAGACATTTTGTCTAGTGTCTATACAAATTCGTCGAGTTAGTACAGGTACTATTGTAT	241	
Db	173	GTTACCTGAAGTACTGTGTAGCGGACAA---GATGACGCTAAGGCCGCAATTTGATATG	229	
Query	242	CCGGTACTCTGTATAGCCGGTATAGTGCGCTCATCTTATATCCGACCGATAGGAATTA	301	
Db	230	TAGTAAATTAATCTATCAGGTTTAGGGTCCC-----ATTTG 265		
Query	302	TAGTGTCTAATAATATATCTTTGGTACCTTATATCATCTGTCTTTTGGCCCGGGAGAAC	361	
Db	266	TTGGGCGGATAGTAGTCTTATCTCAACTTATATGATATTCGTGGCCTTACGGGGA- 324		
Query	362	AAGACAAAACGTATGACACAAATTTATTAATATGGGAAATTTTGTGTATACCGCT	421	
Db	325	-----AAGATCAATGGGAAATTTTATAGAACAGTGAAMAACCTCATTAATCAAAAAA 379		
Query	422	TAAAGAAAGCATTAATAACAGCTAAAGTTACAACTTTGAAGATTTTATAGACAAATTTAC	481	
Db	380	TAGCAGATATGACAGAAATTAAGGCTTTTGGAAATTAAGAGATTTAGTAAATTAATAC	439	
Query	482	AAAGCTATATATACAGCATTTAGATGATTTGGAGAAATTTAAAAAGACTACAAAGCTCCTGAT	541	
Db	440	AATATATATCTAACGCGCTTGAAAGATGGAAAGAAATTCATTTGGAAGTCAGGTTTTC	499	
Query	542	TACCAACCATCATCAGCATTTACACAAAGCTGCTTACCTTAAATATGATTTTGAAGATG	601	
Db	500	GAAATCGAGGTCCAGCCTTACGAG------TGTGGGAATGCAATTTGAATTC 547		
Query	602	TTCACAATGATTTTATTGAGAAATACCTGGTTTCAACTTGAACTTATATAACGCTAT	661	
Db	548	TGATATGTTTATTTACGCAATATATGCAATCTTTTAGATGACAAATTTTGAATATCAT	607	
Query	662	TACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAAGGTCTG	721	
Db	608	TCTTATCTGTATATGSCATGAGCAACCTTCATTTACTGTATTTAAAGAGGCGGTCAA	667	
Query	722	AATTGGCTGATGATGGAATGCAATATATACATCTTCACAAAATTTGAATCTTAATGCTGAA	781	
Db	668	TTTTTGGAGAAATG-----GGATGGTCAACAACATA 700		
Query	782	CATCAGATGACATATATTAACCTTTTAAAGAAATATATACCTAATATATATGTAATTTG	841	
Db	701	CTATTTAAATACATATATATATGATGTCAAATGAAATCTTACGAGAAATATCTGATCATCTG	760	
Query	842	CAAAATACCTATAGAGAGACTAATAATAACTTCGAAGCAACCTATATATGAGATGAGTA	901	
Db	761	TAAAGTGTATGAAACGTGTTTACGAAATTTAAAGGACGAGCGCTAAACAATGGGCTG	820	
Query	902	TATTTAATGATTTATGAAATATATGACTATTACTGTATTTAGATATCTATGCTCAATTTT	961	

Db 821 ACTATACCAATTCGGTAGAAGAAATGACACTGGCGGTTTGTAGTGTTCATTATCC 880
Qy 962 CTTTATGATATTAAGAGATAC 984
Db 881 CAAATTATGACACGACGCTAC 903

RESULT 13
US-11-121-086-96/c
; Sequence 96, Application US/11121086
; Publication No. US20050266459A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES
; FILE REFERENCE: 09138.6000-00000
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121,086
; PRIOR FILING DATE: 2005-05-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 96
; LENGTH: 139054
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
US-11-121-086-96

Query Match 2.9%; Score 65; DB 7; Length 139054;
Best Local Similarity 45.2%; Pred. No. 0.01;
Matches 361; Conservative 0; Mismatches 430; Indels 8; Gaps 3;

Qy 688 AATTTTCATTTAAATTTATTTATTAACAAGATGCTGATTTGGCTGATGATGGAATGATGAT 747
Db 43983 AATTTAAATTTAAATTTATTTATTTAACTGATTAATTTAAACCTAAATTTATTTAAATTTAA 43924
Qy 748 ATACATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAGATGACTATTTAACTTTTA 807
Db 43923 ATAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAA 43868
Qy 808 AAAGAAATTTACTTAATTTAGTAACTTTTGTGCAATTTCTTTAGAGAAAGACTTAAT 867
Db 43867 TATTAAGCAATTAATTTATTTATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAA 43808
Qy 868 AAATTCGAAGCAAGCTTAATTTAGATGAGATGAGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 927
Db 43807 TAAATACATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43748
Qy 928 ACTATTAATCTGATTTAGTACTATGCTCAATTTTCTTTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 987
Db 43747 TATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43688
Qy 988 GATTCATTAAGGAATTTAGTGGC-ATTAAACCTGAATTTCAAGAGAAATTTATACAC 1046
Db 43687 TATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43628
Qy 1047 TGAATTAATTTTGAACGCTTACTTACCTTGAATTTCAACCAATTCGCTATATTTATTTA 1106
Db 43627 TATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43568
Qy 1107 ATATTAATTTAACGCTTCAAGGCTTGAATTTATTTCAATTTTATTTATTTATTTATTTAT 1166
Db 43567 TTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43508
Qy 1167 TAC- - -AAAATGAAACGTCGGAATCGTTTGTGCTATTTCCGAATCGTAAATGATC 1223
Db 43507 AATATATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43448
Qy 1224 TACTATGCTACGACGAGATGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1283
Db 43447 ATATATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43388
Qy 1284 AAAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1343

Db 43387 ATGAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43328
Qy 1344 TCTTACTTCCCTTTCCCTTAACATTTACTTTACATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1403
Db 43327 AATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43268
Qy 1404 TAATTCACCTAGTAAATTTAACTATTTACAGTGGGGAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1463
Db 43267 ATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 43208
Qy 1464 AACACTGATTTTCAATTT 1482
Db 43207 TATTAATTTGCAACATTT 43189

RESULT 14
US-11-121-086-105
; Sequence 105, Application US/11121086
; Publication No. US20050266459A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES
; FILE REFERENCE: 09138.6000-00000
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121,086
; PRIOR FILING DATE: 2005-05-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 105
; LENGTH: 171486
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
US-11-121-086-105

Query Match 2.9%; Score 63.8; DB 7; Length 171486;
Best Local Similarity 42.7%; Pred. No. 0.017;
Matches 506; Conservative 0; Mismatches 667; Indels 12; Gaps 3;

Qy 433 ATAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATTTATTTACAAAGCTTAAT 492
Db 16332 ATATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 16391
Qy 493 ACAGATTTAGATTTGGAATTTAAAGCTCAAGCTCTGATTTACACATCA 552
Db 16392 ATAAATTTGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 16451
Qy 553 TCAGATTTACAAAGCTGCTGACTTTAAATTTGATTTGAGATTTGCAATGAT 612
Db 16452 ATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 16511
Qy 613 TTTATTCGAAATTTACCTGTTTCAACTTTGAATTTATTTAAAGCTTATTTACTTATTT 672
Db 16512 TATTTATTTATTTATTTAAACATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 16571
Qy 673 TATTCGGAAGCTCTAATTTTCAATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 732
Db 16572 TAT- - -ATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 16627
Qy 733 GAATGGAATGCAATTTATCATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGATCATGATGAC 792
Db 16628 ATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 16687
Qy 793 TATTTATTTATTTATTTAAAGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 852
Db 16688 ATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 16747
Qy 853 AGAAGAGACTAATTTAACTTCGAAAGCAACCTTAATTTGAGATGAGATTTATTTATTTATTTATTTAT 912
Db 16748 ATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 16807

[illegible]

RESULT 15-727-41
 US-11-058-727-41
 Sequence 41, Application US/11058727
 Publication No. US20050261483A1
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Andre R. Abad
 APPLICANT: Ronald D. Flannagan
 APPLICANT: Rafael Herrmann
 APPLICANT: Theodore W. Kahn
 APPLICANT: Albert L. Lu
 APPLICANT: Billy Fred McCutchen
 APPLICANT: James K. Presnall
 APPLICANT: James F.H. Wong
 APPLICANT: Cao-Guo Yu
 TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal
 TITLE OF INVENTION: Activity
 FILE REFERENCE: 35718/287809
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
 CURRENT FILING DATE: 2005-02-15
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
 PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
 PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320

```

; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
;
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 41
; LENGTH: 2025
;
; TYPE: DNA
;
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
;
; FEATURE:
;
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(2025)
US-11-058-727-41

```

Query Match	2.8%	Score 63.4;	DB 7;	Length 2025;
Best Local Similarity	48.1%	Pred. No. 0	009.	

QY	2	TGAATCAAAATTAATAAATGAATGTGAGTATGATTCACAAAGAAATTATCTTATCCTT	61
Db	2	TGAGTCCAAATTAATCAAAATGAAATATGAAATTTATGATGCGACACCTTCTACTTCTGTAT	61
QY	62	CTAACAGAAATATGATCATTTCTAGATACCCCTTACACAAATATCAACCATTAAC	121
Db	62	CCAA-----TGATTTCTAACAGATACCTTTTGCGAATGAGCCAAACAAATGGCGCTAC	112
QY	122	AAAACAAATTTACAAAGATGGCTCAATATGTGTCAAGGGAATACAAATATGTGTGAT	181
Db	113	AAAATATGATTAATAAGATTAATTTAAAAATGTCTGGGGAATCTAGTGAATACCTTG	172
QY	182	ATTTCGAGACATTTGCTAGTGTCTGATTAACAATGTCTGACAGTTGTGCAAGTACTATGTAT	241
Db	173	GTTACACCTGAAGTACTTGTGTAGCGGACAA---GATGCACTAAGCGCGCAATTGATATAG	229
QY	242	CCGGTACTCTGTAGCCGGTATAGGTGGGCTCATCTTATATCCGACCGATAGGAATA	301
Db	230	TAGTAATATCTATCAGATTAGGGGCTCC-----ATTTG	265
QY	302	TAGGTCTATAATAATATCTTTTGGTACCTTAATGACTGTCTTTGGCCCGCGGGAAC	361
Db	266	TTGGGCCATATGTGTGCTTTTACTCAACATTATGATATCTGTGGCCCTTACGGGGAAA-	324
QY	362	AAGACAAACAGTATGACACACATTTATTTAAATGGGAAATTTTGTGTATACACGT	421
Db	325	-----AAGATCAATGGGAATTTTATAGGAACAAGTGAACAACATTAATCAAAAA	379
QY	422	TAAACGAAGACATTAACAGCTAAAGTTACAAACTTTAGAGAGATTTAGCAAAATTTAC	481
Db	380	TAGCGAAATATGCAAGATTAAGGCTTTCGAAATTTGAAAGATTAAGTAAATTAATACC	439
QY	482	AAAGCTAATATACGATTAAGTATGATGTTGAGAAATTTAAAAAGTACAAAGCTCCGTGAT	541
Db	440	AATTTATCTAATCTGCGCTTGAGAGATGG--GAAGAAATCCATTTGCAAGTCAGGTT	496
QY	542	TACCAACATCATCAGCATTAACAACAGGTCCTTGACTTTAAAAATACGATTTGAGATG	601
Db	497	TTTCGAAGTCGAGGTGCTTACGAGA-----TGTGCGAAATCGATTTGAATATCC	544
QY	602	TTTCACAAATTTTATTTGAGAAATACTGTTTCCAACTTGAACTTAATAAAGCTAT	661
Db	545	TGAAATGTTATTTATGCAATATATAGCCATCTTTTATGATGACAAATTTTGAAGTACAA	604
QY	662	TACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAAGAGTGCTG	721
Db	605	TCTTACTGTTATATGCAATGCGACCAACCTTCACTTACTGTATTTAAAGAGCGGCTCAA	664
QY	722	AATTGGCTGATGAATGGAATGCAATATATACCTTTCACAAATTTGAACCTAATGCTGGA	781
Db	665	TTTTTGGAGAAAGAGGGATGTCACAAACACTAC-----	699
QY	782	CATCAGATGACTATATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATATAGTAACTATTGTG	841
Db	700	--ATTAAATACATTTATGATCGTCAAAAGAACTTACGACAAATATTTCTGATCACTGTG	757
QY	842	CAATATACCTATAGAGAGACTAAATTAACCTTGGAAACGACCTAATATAGATGAGTGA	901

Db	758	TAAATGGTATCAAACTGGTTTAGCAAAATTAAAGCAGACCGCTAAACAAATGGCTTG	817
Qy	902	TATTTAATGATTAATGAAAGATATATGACTATTACTGTATTAAGTACTATACGCTCAATTTT	961
Db	818	ACTATAAACCAATCCGTAGAGAAATGACACTGGCGCTTTAGATGTGTGTATCATATTC	877
Qy	962	CTTTTATGATTTAAAGATAC	984
Db	878	CAATTAATGACACGCACTAAC	900

Search completed: December 22, 2005, 01:21:25
Job time : 278.51 secs

Qy	1	GTGAATCCAAATATATATATATGAGATTAATCGATTCCAAAGATTATCTTAATCCT	60
Db	1	GTGAATCCAAATATATATATGAAATATGAGATTATCGATTCCAAAGAAATTTATCTTAATCCT	60
Qy	61	TCATACAGAAATTTGATATCATCTCTGATATACCTTACAAATTAATCCAAATCAACCATTA	120
Db	61	TCATACAGAAATTTGATATCATCTCTGATATACCTTACAAATTAATCCAAATCAACCATTA	120
Qy	121	CAAAACAAATTAACAAGAGTGCTCAATATGTGTCAAGGGAATPACAAATATGTGAT	180
Db	121	CAAAACAAATTAACAAGAGTGCTCAATATGTGTCAAGGGAATPACAAATATGTGAT	180
Qy	181	AATTTGAGACATTGCTAGTCTGATCAATATGCTGAGTTAGTCAGGTACTATTTGTA	240

Db 181 AATTGAGACATTGCTAGTGTGATGCAAAATGCTGAGTTAGTGACAGTACTATTTGTA 240
 Qy 241 TCCGGTACTCTGTAGCCGGATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGAGATA 300
 Db 241 TCCGGTACTCTGTAGCCGGATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGAGATA 300
 Qy 301 ATAGGTGCTATATATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGGGAGAA 360
 Db 301 ATAGGTGCTATATATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGGGAGAA 360
 Qy 361 CAAGACAAAACGATAGGACAAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420
 Db 361 CAAGACAAAACGATAGGACAAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420
 Qy 421 TTACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTGAGCAAAATATTA 480
 Db 421 TTACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTGAGCAAAATATTA 480
 Qy 481 CAAGCTATATACAGCTTATGATGATTGAGAAAATTTAAAGACATACAACTCTGGA 540
 Db 481 CAAGCTATATATACAGCTTATGATGATTGAGAAAATTTAAAGACATACAACTCTGGA 540
 Qy 541 TTACACCATCATGACATTAACAAGCTGCTGACTCTTAATAATCGATTTGAGAT 600
 Db 541 TTACACCATCATGACATTAACAAGCTGCTGACTCTTAATAATCGATTTGAGAT 600
 Qy 601 GTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAAACTTATTAACGGTA 660
 Db 601 GTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCAACTTGAAACTTATTAACGGTA 660
 Qy 661 TTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAAGGTGCT 720
 Db 661 TTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAAGGTGCT 720
 Qy 721 GAATTTGGCTATGATGAGATGACATATATACATCTTCACAAAATTTGAACCTTAAGTGGGA 780
 Db 721 GAATTTGGCTATGATGAGATGACATATATACATCTTCACAAAATTTGAACCTTAAGTGGGA 780
 Qy 781 ACATCAGATGACTATTAATACTTTTAAAGAAATATACCTAAATATAGTACTATTTGT 840
 Db 781 ACATCAGATGACTATTAATACTTTTAAAGAAATATACCTAAATATAGTACTATTTGT 840
 Qy 841 GCAAAATACCTTATAGAGAGACTAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATGATGAGAT 900
 Db 841 GCAAAATACCTTATAGAGAGACTAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATGATGAGAT 900
 Qy 901 ATATTTATGATTTATCGAAGATATATGACTATTAATGATAGTACTATGCTCAATTT 960
 Db 901 ATATTTATGATTTATCGAAGATATATGACTATTAATGATAGTACTATGCTCAATTT 960
 Qy 961 TCTTTTATGATTTATTAAGAGATACAAAGATTCAATAGAGAAATAGTGATTAATACT 1020
 Db 961 TCTTTTATGATTTATTAAGAGATACAAAGATTCAATAGAGAAATAGTGATTAATACT 1020
 Qy 1021 GAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAATTAATTTGACCGCTTACTTACCTTGAA 1080
 Db 1021 GAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAATTAATTTGACCGCTTACTTACCTTGAA 1080
 Qy 1081 ATTCACCCCAATCTGCTATATGGAATATTAACGTTACAGGGCTTAGATTTATTT 1140
 Db 1081 ATTCACCCCAATCTGCTATATGGAATATTAACGTTACAGGGCTTAGATTTATTT 1140
 Qy 1141 TCATTTTATGATGAACTTATATTTTATACAAAATATGAAACGTAACGGAAATCGTTTGGT 1200
 Db 1141 TCATTTTATGATGAACTTATATTTTATACAAAATATGAAACGTAACGGAAATCGTTTGGT 1200
 Qy 1201 GGTATTTGGGAATCGTATATGATCTATATGCTACGACAGAACTGAAATATATATGGA 1260
 Db 1201 GGTATTTGGGAATCGTATATGATCTATATGCTACGACAGAACTGAAATATATATGGA 1260
 Qy 1261 GAAAGAACAGGTCCACCCACAAACAAACCTTAAATCACTTTGGAATCTCTATTAAGTTTCA 1320
 Db 1261 GAAAGAACAGGTCCACCCACAAACAAACCTTAAATCACTTTGGAATCTCTATTAAGTTTCA 1320

Qy 1321 ATTTGATCTGATAGACAGTAATCTCTACTTCCCTTTTCTTAACATATATTTACAAAT 1380
 Db 1321 ATTTGATCTGATAGACAGTAATCTCTACTTCCCTTTTCTTAACATATATTTACAAAT 1380
 Qy 1381 AATCAATGTAATCTTATTTAAATTAATTCACCTAGTAATTAATTAACATATTCAGTGGG 1440
 Db 1381 AATCAATGTAATCTTATTTAAATTAATTCACCTAGTAATTAATTAACATATTCAGTGGG 1440
 Qy 1441 GGGAAATTAATCTAATGATTAATAAACAACGATTTTCAATTTCTCTGTAATAAAGACTGT 1500
 Db 1441 GGGAAATTAATCTAATGATTAATAAACAACGATTTTCAATTTCTCTGTAATAAAGACTGT 1500
 Qy 1501 AAACCAATTAATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTAATATAGTATATGATATTTATCC 1560
 Db 1501 AAACCAATTAATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTAATATATGATATATTTATCC 1560
 Qy 1561 CAGTTTCTTATTTATTTATTTCTCTAATAATTTGATAGCGCTAATATATATATACA 1620
 Db 1561 CAGTTTCTTATTTATTTATTTCTCTAATAATTTGATAGCGCTAATATATATATACA 1620
 Qy 1621 GGTGCAATTAGAGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATATGCAATATCAGATAAATTA 1680
 Db 1621 GGTGCAATTAGAGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATATGCAATATCAGATAAATTA 1680
 Qy 1681 ATTACAAATGATCCCAAGCAATCAAAAGGTAAACAGTCTTGATACAACTCTAAGTTAATGAA 1740
 Db 1681 ATTACAAATGATCCCAAGCAATCAAAAGGTAAACAGTCTTGATACAACTCTAAGTTAATGAA 1740
 Qy 1741 GGAACCTGCTATACAGAGAGAACTTGCTTATTTTCAAAAGTCAAGGCGCTTATGAGAT 1800
 Db 1741 GGAACCTGCTATACAGAGAGAACTTGCTTATTTTCAAAAGTCAAGGCGCTTATGAGAT 1800
 Qy 1801 ACATGTAGAACTCCTAATTTCTACACAATCTTATTAATTAAGTGAATGCTAACAAT 1860
 Db 1801 ACATGTAGAACTCCTAATTTCTACACAATCTTATTAATTAAGTGAATGCTAACAAT 1860
 Qy 1861 GGTGCTGGAATACTCTTCTAATATATCTTTACAAATACCAAGATTAATAGGAATACCA 1920
 Db 1861 GGTGCTGGAATACTCTTCTAATATATCTTTACAAATACCAAGATTAATAGGAATACCA 1920
 Qy 1921 CCTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGCTGACAAATTAATTAATTTCAATACGAGAT 1980
 Db 1921 CCTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGCTGACAAATTAATTAATTTCAATACGAGAT 1980
 Qy 1981 TTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAATGATACATTAACCTTAATGAAACATACCAATTT 2040
 Db 1981 TTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAATGATACATTAACCTTAATGAAACATACCAATTT 2040
 Qy 2041 ATATTTAATGTCAGATGATACAAATTCATTTTATCAATGATTAATAATTTGAATTTATA 2100
 Db 2041 ATATTTAATGTCAGATGATACAAATTCATTTTATCAATGATTAATAATTTGAATTTATA 2100
 Qy 2101 CCAATTAATCTCTCTGTAGCCCAAAATAGAGAAAAAATAATTAAGAACTATCCAAACA 2160
 Db 2101 CCAATTAATCTCTCTGTAGCCCAAAATAGAGAAAAAATAATTAAGAACTATCCAAACA 2160
 Qy 2161 AAAATAAATCAATTTTCACAATTCATACAAAATAATTAATTAATTAATTAAGAGCAACAAC 2220
 Db 2161 AAAATAAATCAATTTTCACAATTCATACAAAATAATTAATTAATTAATTAAGAGCAACAAC 2220
 Qy 2221 TATGATATTTGATTA 2235
 Db 2221 TATGATATTTGATTA 2235

RESULT 2
 US-10-782-570-3
 ; Sequence 3, Application US/10782570
 ; Publication No. US20040210965A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Carozzi, Nadine
 ; APPLICANT: Hargis, Tracy

APPLICANT: Kozel, Michael G.
 APPLICANT: Duck, Nicholas B.
 APPLICANT: Carr, Brian
 TITLE OF INVENTION: AXMI-007, A Delta-Endotoxin Gene and
 FILE REFERENCE: 045600/274144
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/782,570
 PRIORITY FILING DATE: 2004-02-19
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,812
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
 SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
 SEQ ID NO 3
 LENGTH: 2085
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Bacillus thuringiensis
 FEATURE:
 NAME/KEY: CDS
 LOCATION: (1)...(2085)
 US-10-782-570-3

Query Match 93.3%; Score 2085; DB 8; Length 2085;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
 Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

151 ATGTGTCAAGGGAATACACATATGATGATATTTGAGACATTTGCTATGCTGATCA 210
 1 ATGTGTCAAGGGAATACACATATGATGATATTTGAGACATTTGCTATGCTGATCA 60
 211 ATTCCTGACGATTTAGTGCAGTACTATTTGATCCGCTGCTGTTAGCGGTATAGTGG 270
 61 ATTCCTGACGATTTAGTGCAGTACTATTTGATCCGCTGCTGTTAGCGGTATAGTGG 120
 271 CTCACCTCTATATCCGACCGATAGAAATTAATAGGCTATATATATCTTTGGTACC 330
 121 CTCACCTCTATATCCGACCGATAGAAATTAATAGGCTATATATCTTTGGTACC 180
 331 CTATACCTGCTCTTTGGCCCGCGGAGAACAGCAAAACAGTATGACCAATTTAT 390
 181 CTATACCTGCTCTTTGGCCCGCGGAGAACAGCAAAACAGTATGACCAATTTAT 240
 391 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTAAGAAAGATTTAAACAGCTAAAGTTA 450
 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTAAGAAAGATTTAAACAGCTAAAGTTA 300
 451 CAAACTTTAGAGATTTAGACAAATATTACAAAGCTATTAATACAGATTTAGATTTGG 510
 301 CAAACTTTAGAGATTTAGACAAATATTACAAAGCTATTAATACAGATTTAGATTTGG 360
 511 AGAAATTTAAAGAGCTACAGCTCTGATTTACACCATCATCATGATTTACCAAGCT 570
 361 AGAAATTTAAAGAGCTACAGCTCTGATTTACACCATCATCATGATTTACCAAGCT 420
 571 GCTTTGACCTTTAAATACAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 630
 421 GCTTTGACCTTTAAATACAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 480
 631 GGTTCGAACTTTGAACTTTAAACGCTATTTACCTATTTATTCGCAAGCTGCTAT 690
 481 GGTTCGAACTTTGAACTTTAAACGCTATTTACCTATTTATTCGCAAGCTGCTAT 540
 691 TTTGATTTAAATTTATTTACCAAGGCTGATTTGGCTGATGAAATGCAATTTA 750
 541 TTTGATTTAAATTTATTTACCAAGGCTGATTTGGCTGATGAAATGCAATTTA 600
 751 CATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGAAACATCATGATCTATTTATTTAA 810
 601 CATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGAAACATCATGATCTATTTATTTAA 660
 811 GAAATTTATCTTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 870
 661 GAAATTTATCTTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 720

871 CTTCGAAACGAACTTAATATGATGATGATATTTATATGATTTATGAAATATATGACT 930
 721 CTTCGAAACGAACTTAATATGATGATGATATTTATATGATTTATGAAATATATGACT 780
 931 ATTAATGATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 990
 781 ATTAATGATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
 991 TCATTAAGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1050
 841 TCATTAAGAAAGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
 1051 ATTAATGATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1110
 901 ATTAATGATTTAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
 1111 AATTTAACAAGGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1170
 961 AATTTAACAAGGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1020
 1171 AAAATGAAAGCTACGGAATCGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1230
 1021 AAAATGAAAGCTACGGAATCGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1080
 1231 GCTACGACAGGACCTGAATTTATATGAGAAAGAAACAGGTCACCAACCAACAAACT 1290
 1081 GCTACGACAGGACCTGAATTTATATGAGAAAGAAACAGGTCACCAACCAACAAACT 1140
 1291 TTAATACCATTTGAAATCGTAAAGTTTCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1350
 1141 TTAATACCATTTGAAATCGTAAAGTTTCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
 1351 TCCCTTTTCTTAACATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1410
 1201 TCCCTTTTCTTAACATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1260
 1411 CCTAGTAAATTAATTAACATTTAGCTGGGGGAAATTTATGATGATGATGATGATGAT 1470
 1261 CCTAGTAAATTAATTAACATTTAGCTGGGGGAAATTTATGATGATGATGATGATGAT 1320
 1471 GATTTTCAATTTCTGTAAGAAAGAGCTGTAACCAATTTATTTATTTATTTATTTAT 1530
 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAGAAAGAGCTGTAACCAATTTATTTATTTATTTATTTAT 1380
 1531 AGCTATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1590
 1381 AGCTATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1440
 1591 ATTTGATTTAGGCTTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1650
 1441 ATTTGATTTAGGCTTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1500
 1651 AATGAAATTAATGCAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1710
 1501 AATGAAATTAATGCAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1560
 1711 AGCTTTGATTAACCTTTAGGATTTAGAGAGAGCTGCTATACAGAGAGAACTTGGTT 1770
 1561 AGCTTTGATTAACCTTTAGGATTTAGAGAGAGCTGCTATACAGAGAGAACTTGGTT 1620
 1771 TATTTAACAAGTCAAGGCGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1830
 1621 TATTTAACAAGTCAAGGCGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
 1831 TATTTAACAAGTCAAGGCGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1890
 1681 TATTTAACAAGTCAAGGCGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
 1891 CTTCATTAACAGGAGATTTAGAGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1950
 1741 CTTCATTAACAGGAGATTTAGAGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1800
 1951 ACAAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2010

Accession	Sequence	Position
D8	ACAAATTATATAATTATACAAATACGGAGATTTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAAGTACGTA	1860
QY	ACATTACTCTTAATACGAAACATACCAATTTATTTTAATCGTGGAGATGATCAAAATTC	2070
D8	ACATTACCTTTAAATCGAAACATACCAATTTATTTTAATCGTGGAGATGATCAAAATTC	1920
QY	ATTTTTAATCATGTATTAATAAATTGAATTTATACCAATTACTTCTCTGTACGCGAAATAGA	2130
D8	ATTTTTAATCATGTATTAATAAATTGAATTTATACCAATTACTTCTCTGTACGCGAAATAGA	1980
QY	GAAGAAACAAAATATGAAACTATCATCAAAACAAAATTAATATCATTTTTCACAAATCATACA	2190
D8	GAAGAAACAAAATATGAAACTATCATCAAAATTAATATCATTTTTCACAAATCATACA	2040
QY	AAAAATATCTTAAATATATGAGGCCAACAATCTATGATATTTGATTA	2235
D8	AAAAATATCTTAAATATATGAGGCCAACAATCTATGATATTTGATTA	2085

```

1      RESULT 3
2      US-10-783-417-1
3      ; Sequence 1, Application US/10783417
4      ; Publication No. US20040216186a1
5      ; GENERAL INFORMATION:
6      ; APPLICANT: Carozzi, Nadine
7      ; APPLICANT: Harzisi, Tracy
8      ; APPLICANT: Kozziel, Michael G.
9      ; APPLICANT: Duck, Nicholas B.
10     ; APPLICANT: Carr, Brian
11     ; TITLE OF INVENTION: AXMI-006, A Delta-Endotoxin Gene and
12     ; TITLE OF INVENTION: Methods for Its Use
13     ; FILE REFERENCE: 045600/274146
14     ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/0/783,417
15     ; CURRENT FILING DATE: 2004-02-20
16     ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,806
17     ; PRIOR FILING DATE: 2003-02-20
18     ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 15
19     ; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
20     ; SEQ ID NO 1
21     ; LENGTH: 2208
22     ; TYPE: DNA
23     ; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
24     ; FEATURE:
25     ; NAME/KEY: CDS
26     ; LOCATION: (1)...(2208)
27     ; US-10-783-417-1

```

	Query Match	85.2%	Score 1903.8	DB 8	Length 2208	
	Similarity	92.2%	Pred. No. 0	Mismatches 162	Indels 9	Gaps 2
	Matches 2030	Conservative 0				
QY	8	AAATAAATAATAGATATGAGATTATGCATTCAAAGAAATTTATCTTATCCCTCTACAA	67			
Db	11	ATAAGATAATAGGAATATGAATATATATGATTGCGATACCTCACCTTATTTCCGAACA	70			
QY	68	GAAATATTGATCAATTCAGATACCCCTTACACAATAATATCCAAATCAACCATTAACAAA	127			
Db	71	GAAACAGTAATGATCTTCAGATACCCCTTACACAATAATATCCAAATCAACCATTAACAAA	130			
QY	128	CAAAATTACAAAGATGGGCTCAATATATGTGTCAAGGGAATACCAATATGTGTATTAATTCG	187			
Db	131	CAAAATTACAAAGATGGGCTCAATATATGTGTCAAGGGAATACCAATATGTGTATTAATTCG	190			
QY	188	AGACATTGCTAGTGCCTGATCAATATGTCGAGTATAGTACAGGTACTATTGATCCGGSTA	247			
Db	191	AGACATTGCTAGTGCCTGATCAATATGTCGAGTATAGTACAGGTACTATTGATCCGGSTA	250			
QY	248	CTCTGTTAGCCGGTATATAGGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGAAATTAATAGGTG	307			
Db	251	CTCTGTTAGCCGGTATATAGGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGAAATTAATAGGTG	310			
QY	308	CTATATATATATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGGGAGAACAGACA	367			

D	b	311	CTATTAATAATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTCTTTGGCCCGGGAGAACAGACA	370
Q	y	368	AAACAGATGAGACAAATTTATTTAAATGGAGAAATTTTGTGTATACCGGTTAACAG	427
D	b	371	AAACAGATGAGACAAATTTATTTAAATGGAGAAATTTTGTGTATACCGGTTAACAG	430
Q	y	428	AAAGCATTAACAGCTTAACCTTAAACCTTTAAGAGATTTAACAATTTTCAAAAGCT	487
D	b	431	AAAGCATTAACAGCTTAACCTTAAACCTTTAAGAGATTTAACAATTTTCAAAAGCT	490
Q	y	488	ATAATACAGCATTAAGATGATTGGAGAAATTTAAAGAACTACAGAGCTCGGTATACAC	547
D	b	491	ATAATACAGCATTAAGATGATTGGAGAAATTTAAAGAACTACAGAGCTCGGTATACAC	550
Q	y	548	CATCATCAGCATTAACAACAAGCTGCCCTTGACTCTTAATAATGATTTGAGAAATGTTACA	607
D	b	551	CATCATCAGCATTAACAACAAGCTGCCCTTGACTCTTAATAATGATTTGAGAAATGTTACA	610
Q	y	608	ATGATTTTATTCGAGAAATCTCGGTTTCCAACTGTGAAACTTTAATAAGCTTTTACAC	667
D	b	611	ATGATTTTATTCGAGAAATCTCGGTTTCCAACTGTGAAACTTTAATAAGCTTTTACAC	670
Q	y	668	CTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCACTTAATTAATTTATTAACAAGAGCTGGAATGG	727
D	b	671	CTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCACTTAATTAATTTATTAACAAGAGAGCTGGAATGG	730
Q	y	728	CTGATGATGAAATGCAATATACATCTTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGAAACATCAG	787
D	b	731	CTGATGATGAAATGCAATATACATCTTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGAAACATCAG	790
Q	y	788	ATGACTTTTATAAAGCTTTTAAAGAAATATACCTTAATTTAGTAATCTATTTGGCAATA	847
D	b	791	ATGACTTTTATAAAGCTTTTAAAGAAATATACCTTAATTTAGTAATCTATTTGGCAATA	850
Q	y	848	CCCTATAGAGAAAGCTTAATTAACCTTGGAAACGACCTAATATGAGATGGAGATATTTTA	907
D	b	851	CCCTATAGAGAAAGCTTAATTAACCTTGGAAACGACCTAATATGAGATGGAGATATTTTA	910
Q	y	908	ATGATTTATCGAAGATATATGACTATTAATCTGATTTAGATCTATCGCTCAATTTTCCTTT	967
D	b	911	ATGACTATCGAAGATATATGACTATTAATCTGATTTAGATCTATCGCTCAATTTTCCTTT	970
Q	y	968	ATGATATTAAGATACAAAGATTCATATAGAGAAATAG-----GTGGCATTTAAACGTG	1021
D	b	971	ATGATATTAAGATATATAGATTCATATAGAGAAATAGAGAAATAGAGCATTTAGATAG	1030
Q	y	1022	AACCTTACAAGAAATTTATTAACAAGAAATTAATTTGACGGCTTAACCTTACCTTGAA	1081
D	b	1031	AACCTTACAAGAAATTTATTAACAAGAAATTAATTTGATGCGCTTCCCAACTTAGAG	1090
Q	y	1082	TTCAACCCAAATCTCGCTATATATGGAATATATTTTAAACGCTTACAGGGCTTAGATTTATTT	1141
D	b	1091	TTCAACCCAAATCTAGCTAGATGGAATATATTTTAAACGCTGCAAGTTTAAATATATTT	1150
Q	y	1142	CATTTTATGATGAACCTTATATTTTATTAACAAGAAATGAACGTAACGGGAATCGTTTACTTG	1201
D	b	1151	CATTTTATGAAACATTTATTTTATTTATTAACAAGAAATGAACATTTGCGGAATCGTTTACTTG	1210
Q	y	1202	GTATTTGGAAATCGTAATATGATCTTACTTAGCTACAGAGAACTGAAATTTATATATGAG	1261
D	b	1211	GTATTTGTAAATCGGATGACACTTAATTAAGCAATCTAATACGTGAAACTTTATATATGAG	1270
Q	y	1262	AAAGAACAGGTCACCCACACAAACAAATTTAATACATTTGATCCTATTAAGTTTCA	1321
D	b	1271	AAAGAACAGGTTCCACCCACACAAACAAATTAAGACATTTGATCCTATTAAGTTTCA	1330
Q	y	1322	TTGTATCTGATTAACAAGTATCTCTTACCTTCCCTTTTCTTAACATTAATCTTTAACAATTA	1381
D	b	1331	TTGTATCTGATTAACAAGTATCTCTCTGCTTCCCTTATTC--AACAACAATTTATATATTA	1387
Q	y	1382	ATCAAAATGAACCTTATTTAATTAATTCACCTTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1441

```

Db 1388 ATCAATTAATGCTTATTTAAATGCTCATCAACACACACTCAATATTCAGACGAG 1447
Qy 1442 GGAATTTATCAATGATATAAAAAAACAATGATTTTCATTTCTGTATAAAAAAGCTGTA 1501
Db 1448 GGTCTTATCTAATATATCAAAAACACACTTTTTCATTTCTGTAAAAAAGCTGCA 1507
Qy 1502 AACCAATATTTATTCAAATTTGTTTACCAAGCTAATATAGTTATGATCATTTTATCCC 1561
Db 1508 ATCTAGTATTTGATCCAGGTGTTTCACCAACTTAAATATATGATATTTTATCCC 1567
Qy 1562 AGTTTCTTTATTTAATTTATTTCTATATAAATTTGATTAAGCGCTAAATATTTATATACAG 1621
Db 1568 ATTTTTCATTTATTTACTATTTCTATGATTTGATTTGATTTACAGTACAAATATTTAGTACAG 1627
Qy 1622 GTGCATTTAGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATATAGCAATATTCAGTTAAATTA 1681
Db 1628 GTGATTTAGATGACACACAGTATGTTAATAGCAATATTCAGTTAAATTA 1687
Qy 1682 TTACATGATCCCAAGCAATCAAAAGGTAAACAGTCTGATACAACTCTAAGGTAATTTGAG 1741
Db 1688 TTACATGATCCCAAGCAATCAAAAGGTAAACAGTCTGATACAACTCTAAGGTAATTTGAG 1747
Qy 1742 GACCTGTCTATACAGAGAAACTTGTATTATTTACAAAGTCAAGGCGTTAGAGATTA 1801
Db 1748 GACCTGTCTATACAGAGAAACTTGTATTATTTACAAAGTCAAGGCGTTAGAGATTA 1807
Qy 1802 CATGTAGACTCTTATTTCTACACATCTTATTTACATTTAGACTTGTAGTACGTAACAATG 1861
Db 1808 CATGTAGAACTCTTATTTCTACACATCTTATTTACATTTAGACTTGTAGTACGTAACAATG 1867
Qy 1862 GTGCGGAAATACCTCTCTATATATCTCTTACAAATTCACAGAGTATATAGGAATATACAC 1921
Db 1868 GTGCGGAAATACCTCTCTATATATCTCTTACAAATTCACAGAGTATATAGGAATATACAC 1927
Qy 1922 CTCACGACTACACACACTTTTCTGTACAAATTTATATATTTATACAAATACGAGATT 1981
Db 1928 CTCACGACTACACACACTTTTCTGTACAAATTTATATATTTATACAAATACGAGATT 1987
Qy 1982 TTGGGTATTTTCAATTTTCAAGTACGTAACATTTCTTAAATTTGAAACATACCTTTTA 2041
Db 1988 TTGGGTATTTTCAATTTTCAAGTACGTAACATTTCTTAAATTTGAAACATACCTTTTA 2047
Qy 2042 TATTTAATCGTACAGATGATCAATTTCAATTTATGATTAATTTGAAATTTATATAC 2101
Db 2048 TATTTAATCGTACAGATGATCAATTTCAATTTATGATTAATTTGAAATTTATATAC 2107
Qy 2102 CAATTTCTCTCTGTACGCAAAATATAGAAAAAATTTAGAAATTTCCAAACAA 2161
Db 2108 CAATTTCTCTCTGTACGCAAAATATAGAAAAAATTTAGAAATTTCCAAACAA 2167
Qy 2162 AAATTAATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATACCTTTA 2202
Db 2168 AAATTAATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATACCTTTA 2208

```

RESULT 4

```

US-09-756-526A-3
; Sequence 3, Application US/09756526A
; Patent No. US20020038005A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Jana, Wojciechowska
; APPLICANT: Evgeny, Levitin
; APPLICANT: Ludmila, Revina
; APPLICANT: Igor, Zalunin
; APPLICANT: Galina, Cheslukhina
; TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
; FILE REFERENCE: S-30913A
; CURRENT FILING DATE: 2001-01-08
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/756,526A
; PRIOR FILING DATE: 2000-01-07
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0

```

```

; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 4896
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: source
; LOCATION: (1)..(4896)
; OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon
; OTHER INFORMATION: :29337
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1129)..(4458)
; OTHER INFORMATION: product: Cry28a1 delta-endotoxin
; PUBLICATION INFORMATION:
; AUTHORS: Wojciechowska, et al.
; TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus
; TITLE: thuringiensis ssp. finitimus
; JOURNAL: FEBS Lett.
; VOLUME: 453
; ISSUE: 12
; PAGES: 46-48
; DATE: 1999-06-18
; DATABASE ENTRY DATE:
; US-09-756-526A-3

```

Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 3; Length 4896;
Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1e-18; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

Qy 303 AGGTCTATTAATTAATCTTTTGTGACCTTAATCACTGTCCTTTGGCCCGGGAGAAC 362
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTTGAACCTTGCGTCCGTTCTTTGGCTGATCCAGAGA 1352
Qy 363 AGA---CAAAACGATGACACACATTTATTAATTAATGAGAAATTTTGTGATACAC 419
Db 1353 AGATCCAAAAAATTTTGTGTACATTTATTAACACGAGAAACCTTTTAAATCAAC 1412
Qy 420 GTTAAACGAAGCAATTAACAGCTAAAGTTACAACCTTTAGAGATTTAGCAAAATAT 479
Db 1413 AATTTCTACAGCTGTAAAGAAATGACATTTAGCTCATTTAATGTTTAAAGATGAT 1472
Qy 480 ACAAGCTATTAATACAGATTAATGATTTGAGAAATTTAAATTAAGATCAAGCTCTGG 539
Db 1473 AACGCTATTAATGAAGATTTAATGATTTGAGAAATTTCAAGTCAAAATGATCGCAG 1532
Qy 540 ATTAACCAATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAATCTTTAAATGATTTGAGAA 599
Db 1533 ATTTGTATCAAGA-----GATTTGAAA 1556
Qy 600 TGTTCACAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTTCCAACTGAATCTTAATAAGCT 659
Db 1557 CGTCAATTTCAATTTTGTGAACAAATGACCAACCTCCAACTCCACGTATGACACAT 1616
Qy 660 ATTTACTCTTATTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGGTGC 719
Db 1617 ATTTATAGTTGCTATACAGAGCTGCAATTTTCAATTTTATTAATTAACATCAAGGTG 1676
Qy 720 TGAATGGCTGATGAATGAATGACATATACATCTTCAAAATGAACCTAATGCTGG 779
Db 1677 ACAATTTGCGGATCAATGAATGACATCAACCAATCAACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy 780 AACATGATGATCTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATTTACTTAATTTATGATTAATG 839
Db 1728 GTCATACAGTACTTATTTATGACGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 1787
Qy 840 TGCAATTAATCTATGAGAGAGCTAAATTAATCTTGAACCAACCTAATATGATGAG 899
Db 1788 CACCAAGCATACCAATAAAGATTTGAATCACTTAAAGATCAAGAAAAATCAATGAGGA 1847
Qy 900 TATATTTATGATTAATGACATATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 959
Db 1848 TGCTTATTAACATATCTGAGAAATGACCTTATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 1907
Qy 960 TTCTTTTATGATATA 975

```

Db 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 5

US-10-345-020-3
Sequence 3, Application US/10345020
Publication No. US20030150018A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Jana, Wojciechowska
APPLICANT: Evgeny, Lewitin
APPLICANT: Ludmila, Revina
APPLICANT: Igor, Zalunin
APPLICANT: Galina, Chestukhina
TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
FILE REFERENCE: S-30913B
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/345,020
CURRENT FILING DATE: 2003-01-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/175,158
PRIOR FILING DATE: 2000-01-07
NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 3
LENGTH: 4896
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis
FEATURE:
NAME/KEY: source
LOCATION: (1)..(4896)
OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon
OTHER INFORMATION: :29337
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1129)..(4458)
OTHER INFORMATION: product: Cry28Aa1 delta-endotoxin
PUBLICATION INFORMATION:
AUTHORS: Wojciechowska, et al.
TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus
thuringiensis ssp. finitimus
JOURNAL: FEBS Lett.
VOLUME: 453
ISSUE: 12
PAGES: 46-48
DATE: 1999-06-18
US-10-345-020-3

Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1e-18; Indels 48; Gaps 3;
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243;

Qy 303 AGGTGCTATAATAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGTCTTTGGCCGCGGAGACA 362
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTGGAACTTGCGTCCGTTCTTGGCCTGATCCAGAGA 1352
Qy 363 AGA---CAAAACAGTAGGACACAAATTTAAATGAGAAATTTTGTGATACAC 419
Db 1353 AGATCCAAAAAAATTTGGTACATTTTAAACACGAGAAAGCCTTTTAAATCAAC 1412
Qy 420 GTTAAAGAAAGCTAAAGCTAAAGTTACAACTTAAAGATTTAGACAAATTT 479
Db 1413 AATTTTACAGCTGTAAAGAAATGACATTAAGCTCATTAATGGTTTAAAGATGATTT 1472
Qy 480 ACAAGCTATAATACAGCATTAAGATTTAGAGAAATTAATAAGACTACAGCTCCGG 539
Db 1473 AAGCTACATGAAGAGCATTTAATGATTTGGAAGAAATCCAACTGCAATATCTCCAG 1532
Qy 540 ATTACCAACATCAAGCATTAACAAGCTGCTTGAAGCTTTAAATACGATTGAGAA 599
Db 1533 ATTGTATCAAGA-----GATTTGAAA 1556
Qy 600 TGTTCACAAATGATTTATTGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAATTTAAAGCCT 659
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCCAACACTCCAACTTCCACGATATGACACTT 1616

Qy 660 ATTACTACCTATTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAAATTTATACAAAGGTGC 719
Db 1617 ATTATTAAGTTGGTATACAGAGCTGCAATTTACATTTGAATTTATATCATCAGGTGT 1676
Qy 720 TGAATTGCTGATGATGGAATGAGATATATACATCTTCAAAATGAACTTAATGCTGG 779
Db 1677 ACAATTGCGGATCAATGGAATGACATGATCAACCAATTCACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy 780 AACATGAGATGATATATTAACCTTTAAAGAAATATACCTTAATATATGATGATTTG 839
Db 1728 GTCATCAGTACTATATATACAGACCTATTGTATATATTTGAAAGATATTAATTTATTTG 1787
Qy 840 TGCATAATCTATAGAGAAAGACTTAATTAATCTTGCAGAAAGAACTTAATATGAGATGAG 899
Db 1788 CACCAAGACATCACTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1847
Qy 900 TATATTTAATGATATGAGAAATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 959
Db 1848 TGCTTATACATATGCTGAGAAATGACCTTAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATG 1907
Qy 960 TTCCTTTTATGATATA 975
Db 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 6

US-10-342-821-3
Sequence 3, Application US/10342821
Publication No. US20030154510A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Jana, Wojciechowska
APPLICANT: Evgeny, Lewitin
APPLICANT: Ludmila, Revina
APPLICANT: Igor, Zalunin
APPLICANT: Galina, Chestukhina
TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
FILE REFERENCE: S-30913C
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/342,821
CURRENT FILING DATE: 2003-01-15
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/175,158
PRIOR FILING DATE: 2000-01-07
NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 3
LENGTH: 4896
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis
FEATURE:
NAME/KEY: source
LOCATION: (1)..(4896)
OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon
OTHER INFORMATION: :29337
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1129)..(4458)
OTHER INFORMATION: product: Cry28Aa1 delta-endotoxin
PUBLICATION INFORMATION:
AUTHORS: Wojciechowska, et al.
TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus
thuringiensis ssp. finitimus
JOURNAL: FEBS Lett.
VOLUME: 453
ISSUE: 12
PAGES: 46-48
DATE: 1999-06-18
US-10-342-821-3

Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1e-18; Indels 48; Gaps 3;
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243;

Qy 303 AGGTGCTATAATAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGTCTTTGGCCGCGGAGACA 362
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTGGAACTTGCGTCCGTTCTTGGCCTGATCCAGAGA 1352
Qy 363 AGA---CAAAACAGTAGGACACAAATTTAAATGAGAAATTTTGTGATACAC 419
Db 1353 AGATCCAAAAAAATTTGGTACATTTTAAACACGAGAAAGCCTTTTAAATCAAC 1412
Qy 420 GTTAAAGAAAGCTAAAGCTAAAGTTACAACTTAAAGATTTAGACAAATTT 479
Db 1413 AATTTTACAGCTGTAAAGAAATGACATTAAGCTCATTAATGGTTTAAAGATGATTT 1472
Qy 480 ACAAGCTATAATACAGCATTAAGATTTAGAGAAATTAATAAGACTACAGCTCCGG 539
Db 1473 AAGCTACATGAAGAGCATTTAATGATTTGGAAGAAATCCAACTGCAATATCTCCAG 1532
Qy 540 ATTACCAACATCAAGCATTAACAAGCTGCTTGAAGCTTTAAATACGATTGAGAA 599
Db 1533 ATTGTATCAAGA-----GATTTGAAA 1556
Qy 600 TGTTCACAAATGATTTATTGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAATTTAAAGCCT 659
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCCAACACTCCAACTTCCACGATATGACACTT 1616

```

|||||
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTTGAACCTTGCTCCGCTTTTGCTGCTGATCCAGAGGA 1352
Qy 363 AGA---CAAAACAGTATGACACATTTATTAATAAGGAGAAATTTTGTGATPACCC 419
Db 1353 AGATCCAAAATAATTTTGTGTACATTTATGAAAACACGAGAAACCTTTTAAATCAAAC 1412
Qy 420 GTTAACGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTTCAAACTTATAGAGATTTATACAAATTT 479
Db 1413 AATTTTACAGCTGTAAAGAAATGACATTTAGCTCATTTAAATGTTTTAAAGATGTTT 1472
Qy 480 ACAAGCTATATATACAGCATTTAGATTTGAGAAATTAATAAGACTACAAAGCTCTG 539
Db 1473 AAGCTACTATGAAGAGATTTATGATTTGAGAGAAATCCAGTGAATATCTGCAAG 1532
Qy 540 ATTAACCAATCATCATGACATTTACAAACAGCTGCTTGAATCTTAAATACATTTGAA 599
Db 1533 ATTGTATTCACAGA-----GATTTGAAA 1556
Qy 600 TGTTCACATGATTTTATGAGAAATATCTGTTTCCAACTTGAACTTTAAAGCT 659
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAAACAAATATGCCAACTCCACATTCACATTTGACATTT 1616
Qy 660 ATTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTATTTTCAATTTTAAATTTATTAACAAGGTC 719
Db 1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAGAGCTGCAATTTTACATTTTATTTATTTATTTATTT 1676
Qy 720 TGAATGCTGATGATGAAATGAGATATATATCTTCAAAATGAACTTAATGCTGG 779
Db 1677 ACAATTCGCGGATCAATGAAATGAGATCAACCACTTCAAAAT-----GTTGAA 1727
Qy 780 AACTGATGATGATTTTATTAACCTTTTAAAGAAATTTACTTAATTTACTATTTG 839
Db 1728 GTATCATGAGTACTTATATATGACGATTTGTTATATATGAAAGATATATTTATTTATG 1787
Qy 840 TGCATATACCTATGAGAGAGCTAAATTAATCTGAAACGAACTTAATATGAGTGG 899
Db 1788 CACCAAGACATACATTAAGATTTGATCCTTTAAAGATCAAGAAAATCACTGGGA 1847
Qy 900 TATATTTAATGATTTGAGAGATATATGATCTATTTACTGTTATTTAGATTTATCTGCTCATTT 959
Db 1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTATTTGATTTGTTGCGCAACTTT 1907
Qy 960 TTCTTTTATGATATA 975
Db 1908 TCCTTTATATGATATA 1923

RESULT 7
US-10-311-455-2128/c
; Sequence 2128, Application US/10311455
; Publication No. US20030143606m1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIERENROCK, Christian
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with the Immune System by Detect
; FILE REFERENCE: 5013.1014
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/311.455
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 2002-12-16
; PRIOR FILING DATE: 2001-07-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2424
; SEQ ID NO 2128
; LENGTH: 15548
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:

```

```

OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-311-455-2128
Query Match 5.2%; Score 117; DB 6; Length 15548;
Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 1.3e-10;
Matches 819; Conservative 0; Mismatches 1040; Indels 18; Gaps 6;

Qy 368 AAACAGATAGACACAAATTTATTAATAAGGAGAAATTTTGTGATACCGTTAACAG 427
Db 13398 ATAAATATACGCGATTAATAATATATGCTATTAATAATATATATATATATATACAGCT 13339
Qy 428 AAAGCATTAACAGCTAAAGTTTCAAACTTATAGAGATTTTGAACAAATTTTCAAGCT 487
Db 13338 CTAAATATATATATATATTAATAATATATGCTATTAATAATATATATATATATATATAT 13279
Qy 488 ATAAATACAGATTTATGATTTGAGAAATTTAAAGATTAACAAGCTCTGATTTACAC 547
Db 13278 AAATATATATCTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 13219
Qy 548 CATCATGAGATTTACAAACAGCTGCTTGAATCTTAAATATACATTTGAGAAATGTTACA 607
Db 13218 TATATCTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 13159
Qy 608 ATGATTTTATTCGAGAAATATCTGTTTCCAACTTGAACCTTATTAACGCTATTTACTAC 667
Db 13158 TAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 13099
Qy 668 CTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTTAAATTTATTAACAACAGCTGCTGAATGG 727
Db 13098 ATATATATATATATA---ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 13042
Qy 728 CTGATGAAATGGAATGCAATTTATCATCTTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGGAATCAG 787
Db 13041 TACATATATTAATAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12983
Qy 788 ATGCTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATATCTTAATATATGATTAATGCTGCAATA 847
Db 12982 ATATAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12923
Qy 848 CTTATGAGAGAGACTTAATTAACCTTGAAACGAACTTAATATGATGAGATATTTTA 907
Db 12922 TATATATATGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12863
Qy 908 ATGATTTTCAAGATATATGATTTTATCTGATTTAGTATGATGCTCAATTTCTTTT 967
Db 12862 TAAATATATATGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12803
Qy 968 ATGATATTAAGAGATATCAAAAGATTCATATGAGAGATATGCTGATTTAACTGAACCTTA 1027
Db 12802 ACGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12743
Qy 1028 CAAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTGACCGCTTACTTACTTGAAATTTCAAC 1087
Db 12742 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12684
Qy 1088 CCAATCTGCTATATATGAAATATATTTTAAACCTTCAAGGCTTATATTTTCAATTT 1147
Db 12683 AAATATATATATATATGAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12624
Qy 1148 TAGATGAAC-TATATTTTATACAAATAAGAAAGTATGAGGATCGTTTGTGTTT 1206
Db 12623 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12564
Qy 1207 GCGAATGATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1266
Db 12563 TAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12504
Qy 1267 ACAGGTCACCAACAAAGAACTTTA-----ATACATTTGAATCCTTAAAGTT 1317
Db 12503 ATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 12444
Qy 1318 TCAATTTGATCTGATGACAGATATATCTTACTTCCCTTTCTTAACATATATCTTTACA 1377

```

[illegible]

RESULT 8
US-10-92

US-10-929-754-2

; Sequence 2, Application US/10929754
; Publication No. US20050124803A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: ABDULLAH, MODH AMIR

APPLICANT: DEAN, DONALD H.

TITLE OF INVENTION: INSECTICIDAL CRYSTAL PROTEINS WITH ENHANCED TOXICITY
;
FILING REFERENCE: 2007/04170

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/929,754

```

: CURRENT FILING DATE: 2004-08-30
: PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/438, 826
: PRIOR FILING DATE: 2003-08-29
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 43
: SOFTWARE: PatentIn Ver. 3.2
: SEQ ID NO 2
: LENGTH: 3684
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Bacillus thuringiensis
: US-10-929-754-2

```

Query Match	4.5%;	Score 100.6;	DB 9;	Length 3684;
Best Local Similarity	48.6%;	Pred. No. 6.7e-08;		
Matches 705; Conservative	0;	Mismatches 629;	Indels 117;	Gaps 11;

QY	824	AATTTAGTAACTATTGGCAAAATCTATATGAGAGACCTAAATAATCTTCGAAACGAC	883
Db	812	AATATAATTGGACATAGACTTATCAATGATATATAAAGCTTTAGATGCTATAGAAATAAAT	871
QY	884	CTAATATGAGATGAGATATATTATGATATTCGAAATATAGACTATATCTGTATTAG	943
Db	872	CTAATGACAAATGAGATTACCTTTAATGATTAATAAAGATGACATATTCACAACTAATTAG	931
QY	944	ATTCATAGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAATATC---AAGATTCAATAGGAA	10000
Db	932	ATATATCTGCTCTTTTGGCAGTATATATCACTGATATCCTCGGACAAATATAGTA	991
QY	1001	GAATAGGTGCATTTAAATCTGAACCTTACAGAGAAATTTTATACAACCTGAATAAATTTTG	10606
Db	992	ATTCGAAATCTATCAAAAACAGAAATTTTACAGAGAGATTTTATACGCTTTAGTAAATCTC	1051
QY	1061	ACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACACCAACTCGCTATATAGGAAATATATTTTAAAC	11201
Db	1052	CTTCTACTAATATCTATGACAGACTGGAGCAGACATTCACGAGATTCATTTATTC	11111
QY	1121	GTTACAGGCGTTAGATTTTTCATTTTATAGTAACTTATATTATATCAAAAAATGAA	11808
Db	1112	CTTGGCTTAAAGAGTGATTT-----TCTGACCAATATCTATATATCAAGATTTBAG	11631
QY	1181	CGTACGGGAATCGTTTATGGTATTCGATTCGAAATCGTAATAGATCTATCTATATGCTACGAC	12408
Db	1164	ATT-----TTTATCTGCCAATTAATTTGGGTTTTCATATACAAATTTCTCTGCA	12131
QY	1241	GACTGAATTTATATATGAGAAAAGAACAGGTCCACCCACACAAAACTTTAATPACAT	13001
Db	1214	TGCAGAAAGATGGAATTTATGSAAGTCTGGT-----TTTGGTTCAA	12551
QY	1301	TTGAAATCCCTPAAAGTTCAATTGTATGATAGACAGTAACCTCTACTTCCCTTTTC	13661
Db	1256	ATCTTACTCATCAAAATTCACCTTATATCTATATGTTTATAAACCTTCTATACAGATCTA	13151
QY	1361	CTAACATATCTTTACATTAATTCAAATATGAACTTTTAAATAATTTCACTAGTATATA	14201
Db	1316	GTCTCCCTCTAATCGAGTTTACAAABAATGATTTCTACAAAATTTGAT-----	13621
QY	1421	AATTAACATATTCAGCTGGGGGGGAATTTATCTAATGATPAAAAAACAACTGATTTTCAAT	14801
Db	1363	-----GGTACTCTTGCTCTTATATTTCAATATATACACCAACTCTGMAAGSTTTAA	14141
QY	1481	TTTCTGTAAAAAAGACTGTAAACCAATTTATATCCAAATGTGTTTCCAGAGCTATATA	15401
Db	1415	GGACACACATTTTGGATTTTCAACAAATGAGAACACCTTAATCAACAACTGTAAATG	14741
QY	1541	GTTTATAGCTAATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAATTTATTCCTATPAAATTTGATTTAG	16001
Db	1475	ATTATATGCAATTTTATAGCTATAT-----AAAAAGTATGTTA	15131
QY	1601	CGCTAAATATATTTATATACAGGTGCTATTAGAGTGCACACAGTATGTTATATGAATA	16601
Db	1514	TAGATTTTAAACAGTAAACAGGGTTTCATTTCTTGGAACATATAGATTTGTAACCTTATA	15731
QY	1661	ATGCAATATGCAATAAATAATTTACATGATCCAGCAATCAAGGTAAACAGTCTGATA	1721

Db 1574 ATCAAAATATACAGATGCTATACACAGTTCGGCGGTAATCTAATCTTGAATG 1633
Qy 1221 CAAGCTCAAGTAATGAAGACCTGCTCATACAGAGAACTGGTTATTTACAA 1780
Db 1634 CAACAGCTAAAGTATCAAGGACCTGCTCATACAGAGGAGGAACTGCTCTTCA 1693
Qy 1781 GTCA-----AGGCGTTTGAAGATTATACAGTAAGC-----TCTTAAT 1819
Db 1694 GCATGCTACTCTACAGAGAGATGAGATTCATCATGTAACAAGATTTTATGATC 1793
Qy 1820 CTACACATCTTATTTACATTAGACTTGATACGCTACAAATGTC--TGAATAATC 1876
Db 1754 CTACAGAAAGTATGAGATTCAGCATACCTTATGCTGCAATATGATGTAATG 1813
Qy 1877 TTCTTAATATCTCTTACATACAGATTAAGATTAAGATCACTCAAGACTCAACA 1936
Db 1814 TATCATATGATATCAAGAGATTTCTAGAGAACAGATTAAGTACAGAACTTACGTTT 1873
Qy 1937 ACACCTTTCTGTACAAATATATATATTAACAATACGAGATTTGGGTA----- 1988
Db 1874 CAAGACCTAATATATATATATATCTACAGATTTAAATATGAAGATTTAGATCA 1933
Qy 1989 -TTTCCAAATTTCAAGTACAGTAACTTACCTTAAATCGAAGATTAATTTA 2047
Db 1934 CTTTGAATGCAATGATGACGATGATATCTTCAATCACTGATTAATAGCTATTC 1993
Qy 2048 ATGCTGAGATGT--ATCAATTTCAATTTATCATTTGATTAATTTATTTACCA 2104
Db 1994 AACCATTAACATGACCTTCAATTAATCAAGATTAATGACAGATTCGAAATTTCC 2053
Qy 2105 TTACTTCTCTGTGCGCAAAATAGAGAAAATTTGAAACTATCCAAACAAA 2164
Db 2054 TCATCTCAATCTGTATATGATGACAGAGAACCAAAATTTGAAATCAGAGAGATTG 2113
Qy 2165 TAAATACATTTTTCACAAATCATACAAAATACTTTAAATATGAAACCAAACTATG 2224
Db 2114 TGAATGACCTGTTTACAAATACCGGAAAGATGCAATTAACATTTGAAACGAGATTATG 2173
Qy 2225 ATATGATTTA 2235
Db 2174 ACATGATCA 2184

RESULT 9
US-10-312-841-1/c
; Sequence 1, Application US/10312841
; Publication No. US20030186277A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Diagnose von bedeutenden genetischen Parametern innerhalb des MHC
; FILE REFERENCE: E01/1208/WO
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/312, 841
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 3673778
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
; NAME/KEY: unsure
; LOCATION: (3294164)
US-10-312-841-1

Query Match 4.4%; Score 99.2; DB 6; Length 3673778;
Best Local Similarity 43.7%; Pred. No. 1.6e-06;
Matches 811; Conservative 0; Mismatches 1028; Indels 15; Gaps 8;

Qy 368 AAACGATGACACATTTTAAATGAGAGAAATTTTGTGATACACCGTTACAG 427
Db 1715486 ATAAATATATATCAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1715427

Qy 428 AAACATTAACAAGCTAAAGTTACAACTTTAGC-AGATTTAGACAAATATTTACAAAGC 486
Db 1715426 TATATCATATTAAT 1715367
Qy 487 TATATATACAGATTTAGATGATTTGAGAGAAATTTAAAGACTACAGCTCTGATTAACA 546
Db 1715366 TATTAAT 1715307
Qy 547 CCATCATACAGCTTACACAAAGCTGCTTGAACCTTTAAATATGACATTTTGAAATGTTTAC 606
Db 1715306 AT 1715247
Qy 607 AATGATTTTATGAGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAACTTATTAAGATTAATTTACTA 666
Db 1715246 ATAAAT 1715187
Qy 667 CCAATTTATGCGCA---AGCTGTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAAGGTGCTGA 722
Db 1715186 TAT 1715127
Qy 723 ATTGCTGATGAAATGAGATGACATATACATCTTCCAAATTTGAACTTAATGCTGGAAC 782
Db 1715126 TATTAAT 1715067
Qy 783 ATCAGATGACTATTAATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAAATATAGTAACTTTGTC 842
Db 1715066 TAAAT 1715007
Qy 843 AATATCCTATAGAGAGAGACTTAATTAATTAACCTTGAAAGAACTTAATATGAGATGAGTAT 902
Db 1715006 AAT 1714948
Qy 903 ATTTAATGATTTTGAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 962
Db 1714947 ACATAAT 1714888
Qy 963 TTTTATGATATTAAGATATCAAGATCAATGAGAAATGAGTGGCACTTAATTAACCTGA 1022
Db 1714887 TAT 1714828
Qy 1023 ACTTACAGAGAAATTTTATCAACTGAATTAATTTTGAACGCTTATCTTGAAT 1082
Db 1714827 ATATTAATTAAT 1714768
Qy 1083 TCAACCAATCTGCTTATATGAGATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTC 1142
Db 1714767 TATCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1714708
Qy 1143 ATTTTATGATGAATTTATTTATATATCAAAAATGAAACGTAAGGAAATGCTTATAGTTGG 1202
Db 1714707 TAAATATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1714649
Qy 1203 TATGCAATCGTATATAGATCTACTTATGCTACAGACGAACTGAATTTATATATGAGA 1262
Db 1714648 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1714589
Qy 1263 AAGACAGGTCCACCCCAACAAAATCTTTATATACATTTGATTCCTATTAAGTTCAAT 1322
Db 1714588 TAAAT 1714529
Qy 1323 ---TGTACTGATGACAGATTAATCTGACTGCTCCCTTTCTTAACATATCTTACAT 1379
Db 1714528 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1714469
Qy 1380 TAAATCAATGAACTTATATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1439
Db 1714468 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1714409
Qy 1440 GGGGAATTTATCTAT 1499
Db 1714408 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1714349
Qy 1500 TAAACCAATATATATCAAAATGTTTACCAAGCTATATATATATATATATATATATAT 1559


```

Db 6353 ACACATTTTAAATACATATATATACATTAATTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 6294
Qy 1420 AATTTACATATTCAGCTGGGGGAA--TTTATCTATATATATATATATATATATATAT 1478
Db 6293 CATTTTTTTTTTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTA 6234
Qy 1479 ATTTCCTGTAAAAAAGACGTGAAAACCAATTTATATCCAAATGTTTACCAAGCTATTA 1538
Db 6233 ACACACATTTTATTTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTAAC 6174
Qy 1539 TAGTATAGCATATTTTATCCAGTTTCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1597
Db 6173 AATTTTTTTTTTATTTATACAAAACATTTATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 6114
Qy 1598 TAGGCTTAATATTTATTTATACAGGTGATTTAGATGACACACATGTTGTTATAGAA 1657
Db 6113 AAACACATTAATACATTTTCAATATTTAAAAATTTATTTTCAATTTATTTATTTATTT 6054
Qy 1658 ATATNGCAATTCATTAATTAATTTATACATGATCCGACATCAAGGTAACAGTCTTG 1717
Db 6053 ATAAAAATA---AAATACAAATTTATTAATTAATTTATTTACAAAAAATTTAAAAA 5998
Qy 1718 ATACAACTCTAAGGTAATTTAGAGACCTGTCTATACAGAGAACTTGTTATTTAT 1777
Db 5997 AAAAAAATTTAAAAAATTTAAAAAATTTAAAAAATTTAAAAAATTTAAAAAATTTAAAA 5938
Qy 1778 AAAGTCAAGGCGTTTATAGATTTACATGTAGAACCTCTAATTTCTACACATCTTATTA 1837
Db 5937 TTTTTTTTATTTATTTATTTATTTAAAAATTTAAAAATTTCAATTTATTTAAAAATTTT 5878
Qy 1838 TTAGCTCGATACGCTACAAATGTGCTGAAATACCTTCTAATATATCTCTACAA 1897
Db 5877 TTTATTTTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTT 5821
Qy 1898 TACGAGAGTATATGAGATATACCACTCAACGCTCAACACATTTTCTGGTACAAAT 1957
Db 5820 TAAAAAATATTTAAAAAATTTAAAAAATTTTTCATTTATTTTCAATTTTATTTTCAATTT 5761
Qy 1958 ATATATATTTTCAATACGAGATTTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAATACATTAAC 2017
Db 5760 TTATATATCAAAAAATTTTAAACATTTAAAAATTTTCAATTTATTTATTTTCAATTTAT 5701
Qy 2018 CTTTAAATCGAAATACATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 2077
Db 5700 CATCAAAATTTTCAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAA 5641
Qy 2078 TCATGATATAATTTGAATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 2137
Db 5640 AATTTTACAAAAAATTTAAAAAATTTAAAAAATTTTCAATTTATTTATTTTCAATTTTCA 5581
Qy 2138 AAAAAATTTAGAACTATTCAAAACAAAATTAATTTATTTTCAAAATCATACAAAAATA 2197
Db 5580 AATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 5521
Qy 2198 CTTTAAATATTTAGAACCCACAAACTATTTATTT 2229
Db 5520 AATTTAAATTTAAAAAATCAAAATTTAAATTT 5489

```

```

; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-473-126-240

Query Match      3.9%; Score 86.8; DB 8; Length 8056;
Best Local Similarity 43.3%; Pred. No. 2,78-05;
Matches 727; Conservative 0; Mismatches 932; Indels 21; Gaps 6;

Qy 540 ATTACACACATCATCACATTTACACAAAGCTGCTTGAACCTTAAATACAGTTTGAAA 599
Db 1700 AATTTTAAATTTTAAATAAAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1641
Qy 600 TGTTCACAAATGATTTTATTTGAGAAATACCTGTTTCCAACTTAAATTTAAAGCT 659
Db 1640 TTTTACCAATTCGTTTATTTGATTTTAAATTTAAATTTATTTAAATTTAAATTTAA 1581
Qy 660 ATTACATCTATTATATGCGAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTTACAAAGGTGC 719
Db 1580 ATTTAAATTTTAAATTTATTTTAAAAAATTTATTTATTTAAAAATTTTATTAAGTAT 1521
Qy 720 TGAATGCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 779
Db 1520 TTAATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1462
Qy 780 AACATCGATGATCTATTATTAACCTTTTAAAGAAATTTACCTAATTTATTTATTTAT 839
Db 1461 TAAAAAATATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 1402
Qy 840 TGCAATATACATATGAGAGAGCTAAATTTAACTTGAAGACCTATATAGATGAGAG 899
Db 1401 CGATTTATTTTATTTTAAAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1342
Qy 900 TATATTTAATGATTTATGAGATATATGATATGATATGATATGATATGATATGATATG 959
Db 1341 TTTTATTTAAAAATTTATTTATTTATTTTATTTATTTATTTTATTTTAAAAAATTTAC 1282
Qy 960 TTTCTTTTATGATATTAAGAGATACAAAGATTCATTTAGAAATTTAGTGCATTTAAAC 1019
Db 1281 TTTTATTTATTTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1222
Qy 1020 TGAATCTACAGAGAAATTTTATACATGAAATTTATTTTGAACGCTTACTTACCTTGA 1079
Db 1221 TAAAAAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAATTTAAT 1162
Qy 1080 AATTCACCAATCTCGCTATATGAAATATTTAATTTTAAACGTTCAAGGCTTATGATTT 1139
Db 1161 TATTTATTTTAAATTTTTCGATATTCGAAAAAATTTTAAAAAAGCAATATTTAAAGCTTT 1102
Qy 1140 TTCAATTTTATGATGATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 1199
Db 1101 AAAAGCTTAAAAAATTTAAAAAATTTAAAAAATTTTATTTTATTTTATTTTAAATTTTC 1042
Qy 1200 TGTGATTTCCGAAATGTTATATATCTATTTATGCTACGACAGAACTGAAATTAAT-AT 1258
Db 1041 GAAATTTAAAAAATTTATTTAAAAAATTTTAAATTTATTTTAAAAAATTTTAAATTTA 982
Qy 1259 GAGAAAGAACAGTCCACCCCAACAAAACCTTTAATTCATTTGAATCTTAAAGTTT 1318
Db 981 TATTTTATTCGTTTAAATTTAAAAAATTTAAAAAATTTTAAAAAATTTTATTTACGAA 922
Qy 1319 CAATTTGATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1373
Db 921 ACAGCAAAAAATTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 862
Qy 1374 TACAAATTTAATTTGAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAT 1433
Db 861 AATTTAAAAAATTTAAATTTTATTTTAAAAAATTTTAAATTTATTTATTTATTTATTT 802
Qy 1434 AGCTGGGGGAATTTATCTAAATGATTAATAAACAAGATTTTCAATTTCTGTAAAAAA 1493
Db 801 TAAATATATTTAATTTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTTAAATTTAAAAATTT 742

```

```

RESULT 11
US-10-473-126-240/c
; Sequence 240, Application US/10473126
; Publication No. US20040234973A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Biogenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
; FILE REFERENCE:
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473,126
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258
; SEQ ID NO 240
; LENGTH: 8056

```

QY 1494 AGACTGTAACCAATTAATTAACCAATTTGTTTACCAAGCTATATAGTTATAGTCATAT 1553
DB 741 AT 682
QY 1554 TTTATCCAGTTTCTTATTTATTTATCTATATATATATATATATATATATATATATAT 1601
DB 681 TATTTAA 622
QY 1602 GCTAAT 1661
DB 621 TTTAT 562
QY 1662 TGCATATACAGATTAAT 1721
DB 561 TAT 503
QY 1722 AAATCTAAGGTAT 1781
DB 502 AAATTTTAT 443
QY 1782 TCAAGGCGTTTAT 1841
DB 442 TTTTAT 383
QY 1842 ACTTCGATAGCTACAAATGCTGCTGGAATATCTTCTTAATATCTCTTACAAATACC 1901
DB 382 TATTTTAT 323
QY 1902 AGAGGTAT 1961
DB 322 ATTTTTTAT 263
QY 1962 TAA-TTTACATATACGAGATTTGGGTATTTCCATTTCCAGTACAGTATACATTCCT 2020
DB 262 AAATTTTAT 203
QY 2021 TAAATCGAAT 2080
DB 202 AAATTAAT 143
QY 2081 TTGTAAT 2140
DB 142 AAAAAAT 83
QY 2141 AATTAAGAACTATCCAAACAAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2200
DB 82 AATTAAT 23

RESULT 12
US-10-473-126-386
; Sequence 386, Application US/10473126
; Publication No. US20040234973A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
; FILE REFERENCE:
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473,126
; CURRENT FILING DATE: 2003-09-26
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258
; SEQ ID NO 386
; LENGTH: 8056
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-473-126-386

Query Match 3.7%; Score 83.2; DB 8; Length 8056;
Best Local Similarity 43.5%; Pred. No. 0.00012;
Matches 783; Conservative 0; Mismatches 993; Indels 24; Gaps 8;

QY 429 AACCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTATAGAGATTTAGCAATATTTACAAAGCTA 488
DB 327 AATTAAT 386
QY 488 TAATACAGCTTATGATTTGAGAAATTTAAAGATACAAAGCTCTGATTTACACC 548
DB 387 TAATTAAT 446
QY 549 ATATACAGATTAACAAAGCTGCTTGAATCTTAATATATATATATATATATATATATATAT 608
DB 447 AAAAAAT 506
QY 609 TGAATTTATCGAATAATACCTGTTTCCAACTTGAACCTTATTAACCTATATATATATAC 668
DB 507 TATTTAT 562
QY 669 TATTTATGCGCAAGCTCTATATTTTCAATTTATATATATATATATATATATATATATAT 728
DB 563 ATGTTTAT 622
QY 729 TGAATGATGGAATGAGAT 788
DB 623 TTTAAT 682
QY 789 TGAAT 848
DB 683 TAAT 742
QY 849 CTATAGAAAGGCTAAT 908
DB 743 AAATTTTAT 802
QY 909 TGAATATGGAAT 968
DB 803 AATTAAT 862
QY 969 TGAATATGGAAT 1028
DB 863 TTTTAT 917
QY 1029 AAGGAAT 1088
DB 918 TTGTTTAT 977
QY 1089 CAATCTGCTAT 1148
DB 978 AAT 1037
QY 1149 AGATGAACTTAT 1208
DB 1038 TTTTGAATTTAT 1094
QY 1209 GAATCGTAT 1268
DB 1095 ATGTTTAT 1154
QY 1269 AGGTCCACCCAGCAAAACCTTAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1328
DB 1155 AATTAAT 1214
QY 1329 TGAATGAAAGTAT 1388
DB 1215 TTTTAT 1274
QY 1389 TGAATCTTAT 1448
DB 1275 TATTAAT 1334
QY 1449 ATCTAATGATTAAT 1508
DB 1335 AATTAAT 1394

Oy	1509	TATTAAATCCAAATGTTTACCAAGTATATATAGTATAGTCATATTTATCCAGTTTC	1568
Db	1395	AATATTTGATTTTTTTTTTATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT	1454
Oy	1569	TTTATTTATATATCTCCATAAATGATTAAGCGCTAAAT--ATATTAATACAGTGCA	1626
Db	1455	TTTTTTTAAATTAATATATTTAAATATATTAATATATTAATTTATATATATATATTA	1514
Oy	1627	TTAGATGACACACAGTAGTGTATATGAATAATGCAATATCAGATTAATATATACA	1688
Db	1515	ATATTAATATGTTAAATAAATTTTTTAATTAATTAATTTTTTTTAAATAATATTTAA	1574
Oy	1687	ATGATCCGACGATCAAAAGTATACGCTTGATACAAACTAGATTAATGAAGACCT	1748
Db	1575	TTTATATATTTTAAATTTTATATTTATTTATTTTAAATTTTAAATAATTAATGAAT	1634
Oy	1747	GGTCATACAGAGGAACCTGGTTTATTTACAAATCAGAGGCGCTTGAAGATTACATG	1806
Db	1635	G--TAAATTTAATAAAAAATTTATTTTAAATTAATATATATAAATTTTATTTTAAAT	1692
Oy	1807	AGAACTCCGAATCTACACAATCTATATACATTAAGTCCGATACGACAAATGTCCT	1866
Db	1693	ATTAATAATTAATTTATATTAATAATATATATTTAATTTTATATTTTAAAAATTA	1752
Oy	1867	GGAATATCTCTCCATAATATATCTCTTCAATACAGAGATATATGA--ATACACCTCA	1929
Db	1753	ATTAATAAATTTTTTAAATTTAAAAATTTAAATTAATATATATTTTATTTATTTA	1812
Oy	1926	ACGACTCAACAACACTTTTCTGTCGAATATATATATTTTACATACGAGATTTGG	1985
Db	1813	ATTAATTAATTAATAATTTGTTTAAAAAATAAAAAAATAAAAAATTTAATTAAT	1872
Oy	1986	GTAATTCGAATTCGAAGTACGTACATACCTTAAATCGAAATACACATTAATAT	2045
Db	1873	AATTAATTTTATTTTTTTTATATTAATAAATAAATTTTATTAATAAAAAATAATTA	1932
Oy	2046	TAAATGTCAGATGTATCAAAATTCATTTTATTCATGTATTAATAATGAATTTATCAAT	2109
Db	1933	TTATTAATTAATTAATAAATAATATATATTTTAAATAATAAATTTAATATTTATTTAT	1992
Oy	2106	TACTTCCTCTGACGCCAAATATGAGAAAAAATAAATAATGAAATCTATCCAAACAAAT	2165
Db	1993	TTAAATTTTAATA----AATTTTAAATATATTTAAATAAATAATATTTTAAATATTT	2048
Oy	2166	AAATATCAATTTTCACAATCATACAAAAAATATCTTAAATATAGAGCCCAACTATGA	2225
Db	2049	---TTTATTTTAAAAAATTTTATTTAAAAATTTTAAATATTTAATAATTAATTAATA	2105

```

/ RESULT 13
/ US-09-826-660-5
/ Sequence 5, Application US/09826660
/ Patent No. US20010026940A1
/ GENERAL INFORMATION:
/ APPLICANT: Cardneau, Guy A.
/ APPLICANT: Stelman, Steven J.
/ APPLICANT: Narva, Kenneth E.
/ FILE OF INVENTION: Plant-Optimized Genes Encoding Pesticidal Toxins
/ TITLE REFERENCE: MA-714XC2D1
/ CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/826,660
/ CURRENT FILING DATE: 2001-04-05
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/178,252
/ PRIOR FILING DATE: 1998-10-23
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065,215
/ PRIOR FILING DATE: 1997-11-12
/ PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/076,445
/ PRIOR FILING DATE: 1998-03-02
/ NUMBER OF SEQ ID NOS: 27
/ SOFTWARE: PatentIn Ver. 1.2.0
/ SEQ ID NO 5
/ LENGTH: 3522
/ TYPE: DNA
/ ORGANISM: Bacillus thuringiensis

```

US-09-826-660-5

Query Match	3.6%;	Score 79.6;	DB 3;	Length 3522;
Best Local Similarity	53.3%;	Pred. No. 0.00038;		
Matches 212;	Conservative 0;	Mismatches 159;	Indels 27;	Gaps 1;

QY	ATAGATTTGAGANGTTCAAGATATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCAACTGAA	645
Db	ATTGATTTTGCTATATACAGACGAGCTTTATTAACGATATTAATATTTTACCTTACA	447
QY	ACTATATAAAGCTATTTACTACTCATATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTTCATTTAAATTTA	705
Db	AGTTTGAAATCCCTCTTTTATGCGTCTATGTTTCAAGCGGAGATTTTACATTTATCACTA	507
QY	TTACAAACAGGTGCTGAATTTGGCTGATGAATGGAATGAGATATATACATCTTCAAAATT	765
Db	TTAAGAGACGCTGATCGTTTGCGCAGGGTTGGGACGTGATATAGCTACTGTTAAATAT	567
QY	GAACCTAATGCTGGAACTACGATGACTATATATACTTTTAAAGAAATATATCTAAA	825
Db	C-----ATTATATAGATTAAATTAATCTTATTTTCAATGAA	600
QY	TATAGTACTATTTGNCMAATPACTATATAGAGAAGAACTAAATTAATCTCGAAAGCACT	885
Db	TATACGAAACCTTTGTTTGGACACATCACTACATGAAAGATTAGAAAACCTTAAGAGTACTAAT	660
QY	AATATGAGATGAGATATATTTAATGATTATTCGAAGATATATGACTATTTACTGTAATTGAT	945
Db	ACTCGACATGCGCAAGATTCAATCAGTTTGGAGAGATTTAAACACTTACTGTAATTGAT	720
QY	ACTATCGTCAATTTTCTTTTATGATATATAAGAGATA	993
Db	ATCGTGTCTTTTTCGAACTACAGATGTATGAACATA	758

```

RESULT 14
US-09-837-961-7
; Sequence 7, Application US/09837961
; Publication No. US20040058860A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Payne, Jewel
; APPLICANT: Sick, August
; TITLE OF INVENTION: No. US20040058860A1e1 Bacillus thuringiensis Isolate Active Again
; TITLE OF INVENTION: and Genes Encoding No. US20040058860A1e1 Lepidopteran-Active Tox
; FILE REFERENCE: MA-83CPE2D3
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/837,961
; CURRENT FILING DATE: 2001-04-19
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/521,344
; PRIOR FILING DATE: 2000-03-09
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/933,891
; PRIOR FILING DATE: 1997-09-19
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/356,034
; PRIOR FILING DATE: 1994-12-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/210,110
; PRIOR FILING DATE: 1994-03-17
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/865,168
; PRIOR FILING DATE: 1992-04-09
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/451,261
; PRIOR FILING DATE: 1989-12-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 371,955
; PRIOR FILING DATE: 1989-06-27
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 7
; LENGTH: 3522
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
US-09-837-961-7

```

Query Match	3.6%	Score 79.6	DB 3	length 3522
Best Local Similarity	53.3%	Pred. No. 0.00038		
Matches 212; Conservative	0;	Mismatches 159;	Indels 27;	Gaps 1;

Oy	586	ATACGATTGGAGAATGTTCAACAATGATTTTATTCGGAAATAACGGTGTCCACCTGAA	645
Db	388	ATTGCGATTTCCTAATACAGACGACGCTTAAATACGCATTAATTAATTACCTTACA	447
Oy	646	ACTTATAAACGCTATTACTACCTATTATTCGGCAAGCTGCTAATTTTCATTAAATTTA	705
Db	448	AGTTTGAATCCCTCTTTTATTCGGCTATGTTCAAGGGCGAATTTACATTATTCACTA	507
Oy	706	TTACCAACAAGGTGCTGAATTTGGCTGATGATGGAATGCAGATATACATCTTCACAATT	765
Db	508	TTAAGAGCGCTGTATTCGTTTGGCAGGGTGTGGGACTGGAATATAGCTCTGTATAATAT	567
Oy	766	GAACCTATATGCTGGAACATCAGATGACTATTTAAACTTTTAAAGAAATTTACTATAA	825
Db	568	C-----ATATTAATAGATTATTAATCTTTATTCATAGA	600
Oy	826	TATAGTAACTATTTGCAAAATACCTATAGAGAGAGCTAAATPAACTTCGAAACGACCT	885
Db	601	TATAGAAACATTTGTTGGACACATACATCAAGATTTGAAAACCTTAGAGGTACTAT	660
Oy	886	AATATGAGATGAGTATATTTTATGATTTATCGAAGATATATGACTATTTACTGTATTAGAT	945
Db	661	ACTCGACATGCGGCAAGATTCATCAGTTTAGAGAGATTTTAACTTACTGTATTAGAT	720
Oy	946	ACTATGCGTCAATTTCTTTTATGATATAAAGAGTA	983
Db	721	ATCGTGTCTTTTTCGAGACTACAGATGTTTAAACATA	758

```

Oy 646 ACTATAAAAGCATATCTACCTATTTATGGCAAGCGCAATTTCAATTAATTTA 705
Db 448 AGTTTGAATTCCTCTTTTATCGGCTATGTGTTCAAGCGCGCAATTTACATTTATCATA 507
Oy 706 TTACAACAAGGTGCTGAAATTTGGCTGATGAATGCAATGACATATACATCCCTCACAAAT 765
Db 508 TTAAAGAGCGCTATTCGTTTGGGAGGGTTGGGACATGGATATATAGCTATCTGTATATAT 567
Oy 766 GAACTAAATGCTGGAACATCAGATGACTATTTATAAATTTTAAAGAAAATATACTTAA 825
Db 568 C-----ATTATATAGATTTATTAATCTTATTTATCATA 600
Oy 826 TATACTACTATTTGCAATPACTATAGAGAAGACTAAATAACTCGAAGCAACT 885
Db 601 TATAGAAACATTTGTTGGACACATACATCAAGATTAGAAAACCTTAAGAGTACTAAT 660
Oy 886 AATATGATGGAGATATATTTAATGATTATCGAAGATATATGACTATTTACTGTATTAAGAT 945
Db 661 ACTGCACATGGGCAAGATTCATCATCGTTTAGAAGATTTAAACCTTACTGTATTAGAT 720
Oy 946 ACTATGCTCAATTTTCTTTTATGATATAAAGAGATA 983
Db 721 ATCGTTGCTCTTTTCCGAACTACGATGTTAGACATA 758

```

Search completed: December 22, 2005, 01:12:42
Job time : 1799.45 secs

```

RESULT 15
US-10-825-751-7
; Sequence 7, Application US/10825751
; Publication No. US20040194165A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Payne, Jewel
; APPLICANT: Sick, August J.
; TITLE OF INVENTION: Novel Bacillus thuringiensis Isolate Active Against Lepidopteran
; TITLE OF INVENTION: Pests, and Genes Encoding Novel Lepidopteran-Active Toxins
; FILE REFERENCE: MA-43CDP204
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/825,751
; CURRENT FILING DATE: 2004-04-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/837,961
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-19
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/521,344
; PRIOR FILING DATE: 2000-03-09
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/933,891
; PRIOR FILING DATE: 1997-09-19
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/356,034
; PRIOR FILING DATE: 1994-12-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/210,110
; PRIOR FILING DATE: 1994-03-17
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/865,168
; PRIOR FILING DATE: 1997-04-09
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/451,261
; PRIOR FILING DATE: 1989-12-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 371,955
; PRIOR FILING DATE: 1989-06-27
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 10
; SOFTWARE: PatentIn version 3.2
; SEQ ID NO 7
; LENGTH: 3522
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
US-10-825-751-7

```

Query Match	3.6%;	Score 79.6;	DB 8;	Length 3522;
Best Local Similarity	53.3%;	Pred. No. 0.00038;		
Matches 212;	Conservative 0;	Mismatches 159;	Indels 27;	Gaps 1;

QY 586 ATAGCATTTAGAACTTCACAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCACTTGA 645
 Db 388 ATTCATTTGCTAATACAGACGCGTTTAATACGCAATTAATATTTTACACTTACA 447

Search completed: December 22, 2005, 01:12:42
Job time : 1799.45 secs

Result No.	Score	Query Match	Length	DB	ID	Description
1	2235	100.0	2235	13	ADR89336	Adt89336 AXMI-007
2	2085	95.3	2085	13	ADR89338	Adt89338 AXMI-0078
3	1903.8	83.2	2208	13	ADR89334	Adt89334 AXMI-0068
4	384.6	17.2	3940	1	AAN93054	Aan93054 Delta-ens
5	384.6	17.2	4571	1	AAN93059	Aan93059 Delta-ens
6	384.6	17.2	4934	1	AAN81490	Aan81490 Insecticid
7	381.4	17.1	3543	2	AAQ81669	Aaq81669 Dipteran
8	381.4	17.1	3543	2	AAQ81178	Aaq81178 B. t. toxi
9	221	9.9	2061	2	AAQ14670	Aaq14670 Dipteran
10	221	9.9	2061	2	AAQ81180	Aaq81180 B. t. toxi
11	211.2	9.4	3756	1	AAN50525	Aan50525 Bacillus
12	161.2	7.2	4896	6	AAQ43974	Aaq43974 Bacillus
13	161.2	7.2	4896	10	ADR31301	Adf31301 Bacillus
14	161.2	7.2	4896	10	ADR31306	Adf31306 Bacillus
15	117	5.2	15548	6	ABL34155	Ab134155 Human imm
16	101.2	4.5	3684	1	AAN83106	Aan83106 Sequence
17	101	4.5	3684	6	ABK14945	Abk14945 Bacillus
18	100.6	4.5	3535	1	AAN91003	Aan91003 Sequence
19	100.6	4.5	3684	14	AAE61392	Aae61392 Bacillus

20	99	4.4	4065	1	AA992515	AA992515
21	99	4.4	4184	1	AA996139	AA996139
22	97.8	4.4	10974	1	AA960055	AA960055
23	93.6	4.2	8036	8	ABZ10246	ABZ10246
24	92.6	4.1	3507	2	AA743221	AA743221
25	88.4	4.0	2130	12	ADP71294	ADP71294
26	88.4	4.0	2246	12	ADP71295	ADP71295
27	86.8	3.9	8056	8	ABZ10100	ABZ10100
28	86.4	3.9	4660	14	ADZ70902	ADZ70902
29	86.2	3.9	1524	14	ADZ70897	ADZ70897
30	83.8	3.7	1554	14	ADZ70999	ADZ70999
31	83.2	3.7	8056	8	ABZ10246	ABZ10246
32	82.8	3.7	34548	6	ABZ70603	ABZ70603
33	82	3.7	2482	12	ADZ71091	ADZ71091
34	81.2	3.6	2131	14	AAZ057109	AAZ057109
35	79.6	3.6	3444	2	AAZ05549	AAZ05549
36	79.6	3.6	3444	2	AAZ05251	AAZ05251
37	79.6	3.6	3444	2	AAZ18723	AAZ18723
38	79.6	3.6	3444	2	AAZ18701	AAZ18701
39	79.6	3.6	3444	2	AAZ62080	AAZ62080
40	79.6	3.6	3444	2	AAZ62082	AAZ62082
41	79.6	3.6	3450	2	AAZ05569	AAZ05569
42	79.6	3.6	3450	2	AAZ18721	AAZ18721
43	79.6	3.6	3450	2	AAZ62079	AAZ62079
44	79.6	3.6	3452	2	AAZ10182	AAZ10182
45	79.6	3.6	3522	2	AAQ47291	AAQ47291
Delta						Delta

PA (ATHE-) ATHENIX CORP.
XX
XX Carozzi N, Hargiss T, Koziel MG, Duck NB, Carr B;
XX WPI: 2004-635574/61.
DR P-PSDB; ADR69397.
XX
XX New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids
XX and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or
XX for producing organisms with pesticide resistance.
PS
PS Claim 1; SEQ ID NO 8; 178bp; English.
XX
XX This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-
XX endotoxin coding sequences of the invention have alternative start
XX codons, producing more than one protein from a single open reading frame.
XX The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs
XX or expression cassettes for transformation and expression in plants and
XX bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for
XX killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the
XX delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are
XX useful for the production of organisms with pesticide resistance,
XX specifically bacteria and plants. These organisms are useful for
XX generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-
XX associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the
XX presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or
XX nucleic acids in products or organisms.
XX
XX Sequence 2235 BP; 861 A; 364 C; 316 G; 694 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 100.0%; Score 2235; DB 13; Length 2235;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 2235; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 GTGATCAAAATTAATTAATGAATGAGATTATGCAATCAAGAAATTATCTTATCCT 60
DB 1 GTGATCAAAATTAATTAATGAATGAGATTATGCAATCAAGAAATTATCTTATCCT 60
QY 61 TCTAACGAAATATGATTCATCTAGATACCTTACCAAAATTAATCCAAATCAACATTA 120
DB 61 TCTAACGAAATATGATTCATCTAGATACCTTACCAAAATTAATCCAAATCAACATTA 120
QY 121 CAAACACAAATTCAGAAAGGTGCTCAATATGCTCAAGGAATACCAATATGCTGAT 180
DB 121 CAAACACAAATTCAGAAAGGTGCTCAATATGCTCAAGGAATACCAATATGCTGAT 180
QY 181 AATTGAGACATTTGCTAGTGTGATGATCAATGCTGAGTTAGTGAAGGATCAATGTA 240
DB 181 AATTGAGACATTTGCTAGTGTGATGATCAATGCTGAGTTAGTGAAGGATCAATGTA 240
QY 241 TCCGGTACTCTGTAGCCGATATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATAGATA 300
DB 241 TCCGGTACTCTGTAGCCGATATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATAGATA 300
QY 301 ATAGGTGCTATTAATTAATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGCGAGAA 360
DB 301 ATAGGTGCTATTAATTAATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGCGAGAA 360
QY 361 CAAAGCAAAACAGATGAGACAAATTTAATAATGGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420
DB 361 CAAAGCAAAACAGATGAGACAAATTTAATAATGGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420
QY 421 TTAAAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTAAAGGATTTAGACAAATTTA 480
DB 421 TTAAAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTAAAGGATTTAGACAAATTTA 480
QY 481 CAAAGCTATTAATTAAGCATTTGATGATTTGAGAAAATTTAAAGACTACAAAGCTCTGGA 540
DB 481 CAAAGCTATTAATTAAGCATTTGATGATTTGAGAAAATTTAAAGACTACAAAGCTCTGGA 540
QY 541 TTACACCATCATGAGCATTAACAACAGCTGCTTGACTCTTAATAATGATTTGAGAT 600
DB 541 TTACACCATCATGAGCATTAACAACAGCTGCTTGACTCTTAATAATGATTTGAGAT 600

QY 601 GTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAATTTAAAGGCTA 660
DB 601 GTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAATTTAAAGGCTA 660
QY 661 TTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGTGTCT 720
DB 661 TTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGTGTCT 720
QY 721 GAATGGCTATGAATGAGATGAGATPACATCTTCCCAATTTGAACTTAATGCTGGA 780
DB 721 GAATGGCTATGAATGAGATGAGATPACATCTTCCCAATTTGAACTTAATGCTGGA 780
QY 781 ACATCAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 840
DB 781 ACATCAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 840
QY 841 GCAAAATACCTATTAAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 900
DB 841 GCAAAATACCTATTAAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 900
QY 901 ATATTTAATGATTAATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 960
DB 901 ATATTTAATGATTAATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 960
QY 961 TCTTTTATGATTAATTAAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1020
DB 961 TCTTTTATGATTAATTAAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1020
QY 1021 GAATCTTAAGAGAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1080
DB 1021 GAATCTTAAGAGAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1080
QY 1081 ATTCAACCCATCTCGCTATTAATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1140
DB 1081 ATTCAACCCATCTCGCTATTAATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1140
QY 1141 TCAATTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1200
DB 1141 TCAATTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1200
QY 1201 GGTATTCGAAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1260
DB 1201 GGTATTCGAAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1260
QY 1261 GAAAGAAACAGGTGACCCACCAACAAACCTTTAATCAATTTGAATCCTTAAGTTCA 1320
DB 1261 GAAAGAAACAGGTGACCCACCAACAAACCTTTAATCAATTTGAATCCTTAAGTTCA 1320
QY 1321 ATTGTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1380
DB 1321 ATTGTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1380
QY 1381 AATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1440
DB 1381 AATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1440
QY 1441 GGGATTTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
DB 1441 GGGATTTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
QY 1501 AAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560
DB 1501 AAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560
QY 1561 CAGTTTCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
DB 1561 CAGTTTCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
QY 1621 GGTGATTAAGATGAGACACAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1680
DB 1621 GGTGATTAAGATGAGACACAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1680

Db 421 GCCTTGACTTAAATACGATTTGAGATGTTCAAGATGTTTATTCGAGAAATACCT 480
 Qy 631 GGTTCACACTGAACTTATTAACCGCTATTACTATTTATGCGAAGCTGTAAT 690
 Db 481 GGTTCACACTGAACTTATTAACCGCTATTACTATTTATGCGAAGCTGTAAT 540
 Qy 691 TTTTCATTTAAATTTATTAACAAGGTCGTAATTCGCTGATGGAATGCAATATTA 750
 Db 541 TTTTCATTTAAATTTATTAACAAGGTCGTAATTCGCTGATGGAATGCAATATTA 600
 Qy 751 CATTCCTCAAGAAATGAACTTAATGCTGGAACATCAATGATCTTATTAACCTTTAAA 810
 Db 601 CATTCCTCAAGAAATGAACTTAATGCTGGAACATCAATGATCTTATTAACCTTTAAA 660
 Qy 811 GAAATATACCTTAATATAGTAATCTATGTCGAATACCTATAGAGAAGGCTAAATAAA 870
 Db 661 GAAATATACCTTAATATAGTAATCTATGTCGAATACCTATAGAGAAGGCTAAATAAA 720
 Qy 871 CTTTGAAACGAACTTAATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGCAAGATATATGACT 930
 Db 721 CTTTGAAACGAACTTAATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGCAAGATATATGACT 780
 Qy 931 ATTAACGTATTAAGTACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATTAAGATCAAGAT 990
 Db 781 ATTAACGTATTAAGTACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATTAAGATCAAGAT 840
 Qy 991 TCAATAGGAAGATAGGTGGCATTTAAACCTGACCAAGAAATTTATACAACTGAA 1050
 Db 841 TCAATAGGAAGATAGGTGGCATTTAAACCTGACCAAGAAATTTATACAACTGAA 900
 Qy 1051 ATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCAACTGCTGATATAGAAATAT 1110
 Db 901 ATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCAACTGCTGATATAGAAATAT 960
 Qy 1111 AATTTACAGGTCAGGGCTTAGATTAATTTCAATTTTATGATGAAGCTTAATTTTATACA 1170
 Db 961 AATTTACAGGTCAGGGCTTAGATTAATTTCAATTTTATGATGAAGCTTAATTTTATACA 1020
 Qy 1171 AAAAATGAAACGTACGGGAAATCGTTTAGTGTGATTCGAACTGTAATAGATCTACTTAT 1230
 Db 1021 AAAAATGAAACGTACGGGAAATCGTTTAGTGTGATTCGAACTGTAATAGATCTACTTAT 1080
 Qy 1231 GCTACGACAGGAAGTGAATTTATATGAGAGAAAGAAAGGTCACCCACACAAAAACT 1290
 Db 1081 GCTACGACAGGAAGTGAATTTATATGAGAGAAAGAAAGGTCACCCACACAAAAACT 1140
 Qy 1291 TTAATACATTTGAATGCTTAAGTTCAATTCGATCTGATACAAAGTAACTCCCTACT 1350
 Db 1141 TTAATACATTTGAATGCTTAAGTTCAATTCGATCTGATACAAAGTAACTCCCTACT 1200
 Qy 1351 TCCCTTTTCTTAACATATATCTTACAAATTTGAACTTTATTTTAAATATTTCA 1410
 Db 1201 TCCCTTTTCTTAACATATATCTTACAAATTTGAACTTTATTTTAAATATTTCA 1260
 Qy 1411 CCTAGTAAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATAAAAAACT 1470
 Db 1261 CCTAGTAAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATAAAAAACT 1320
 Qy 1471 GATTTTCAATTTCTGTAAGAAAAAGAGCTGTAACCAATTAATTAATTCGAAATGTTTCA 1530
 Db 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAGAAAAAGAGCTGTAACCAATTAATTAATTCGAAATGTTTCA 1380
 Qy 1531 AGCTATATATGTTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAATATTCCTATAAA 1590
 Db 1381 AGCTATATATGTTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAATATTCCTATAAA 1440
 Qy 1591 ATTGATTTAGCGCTAAATATATATTAATTAACAGTGCATTAAGATGACACACAGTATGTT 1650
 Db 1441 ATTGATTTAGCGCTAAATATATATTAATTAACAGTGCATTAAGATGACACACAGTATGTT 1500
 Qy 1651 AATAGAAATATATGCAATATGCAATAAATTAATTAATTAATTCGCAAGATCAAAAGTATAC 1710
 Db 1501 AATAGAAATATATGCAATATGCAATAAATTAATTAATTAATTCGCAAGATCAAAAGTATAC 1560

Qy 1711 AGCTTGAATCAAACTCTAAGTAATTTGAAGAGCTGTCATATACAGAGAACTTGGTT 1770
 Db 1561 AGCTTGAATCAAACTCTAAGTAATTTGAAGAGAGCTGTCATATACAGAGAACTTGGTT 1620
 Qy 1771 TATTTCAAAAGTCAAGGGCGTTTGAAGATTAATGATTAATCTCTTAATTTTACAAATCT 1830
 Db 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGGCGTTTGAAGATTAATGATTAATCTCTTAATTTTACAAATCT 1680
 Qy 1831 TATTTCAATTAAGTCTGATACCTTAAGTCAATATGTCGTAATTCCTCTTAATATATCT 1890
 Db 1681 TATTTCAATTAAGTCTGATACCTTAAGTCAATATGTCGTAATTCCTCTTAATATATCT 1740
 Qy 1891 CTTCACATACCAAGAGTAATAGGAATACCACTCAACAGCTCAACAACTTTTCTGGT 1950
 Db 1741 CTTCACATACCAAGAGTAATAGGAATACCACTCAACAGCTCAACAACTTTTCTGGT 1800
 Qy 1951 ACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2010
 Db 1801 ACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860
 Qy 2011 ACATTAACCTTTAATGGAACATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2070
 Db 1861 ACATTAACCTTTAATGGAACATACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1920
 Qy 2071 ATTTATATCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2130
 Db 1921 ATTTATATCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980
 Qy 2131 GAAAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2190
 Db 1981 GAAAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040
 Qy 2191 AAAAAATCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2255
 Db 2041 AAAAAATCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085

RESULT 3
 ADR89394
 ID ADR89394 standard, cDNA, 2208 BP.
 XX
 AC ADR89394;
 XX
 DT 18-NOV-2004 (first entry)
 XX
 DE AXMT-006 coding sequence.
 XX
 KW se; gene; delta-endotoxin; delta-endotoxin associate polypeptide;
 KW expression cassette; transformation; transgenic; plant; bacteria;
 KW lepidoptera; coleoptera; pest; pesticide; resistance;
 KW pesticidal activity.
 XX
 OS *Bacillus thuringiensis*.
 XX
 FH Key Location/Qualifiers
 FT CDS 1..2208
 FT /*tag= a
 FT /product= "AXMT-006"
 PN WO2004074462-A2.
 XX
 PD 02-SEP-2004.
 XX
 PF 20-FEB-2004; 2004MO-US005829.
 XX
 PR 20-FEB-2003; 2003US-0448632P.
 PR 20-FEB-2003; 2003US-0448633P.
 PR 20-FEB-2003; 2003US-0448797P.
 PR 20-FEB-2003; 2003US-0448806P.
 PR 20-FEB-2003; 2003US-0448810P.
 PR 20-FEB-2003; 2003US-0448812P.
 PR 19-FEB-2004; 2004US-00781979.

Db	1516	GTATATGACAAAGCAAGCAAACTTAATCACTGATGATTTAAATCAAGCCGTCAAATTTGAG	1575
Qy	731	ATGAATGGAATGCAAGATATACATCTTTCACAAGATTTGAACCTTAATGCTGGAAACATCAGATG	790
Db	1576	CGTATTTTAAAAAACAATCGAACAAATTCGATTTTATTTAGAGCCCTTTGCC--AACACCAATTTG	1632
Qy	791	ACTATTTATAAACTTTTAAAGAAAAATATACCTAAATATAGTAATGATTTGTCGAATATCT	850
Db	1633	ATTATTTATCCAGTATTTGCTTAAGCTATGAAAGATTTACATTAATTTATGTGTAAACAATT	1692
Qy	851	ATTAGGAAGACCTAAATTAACCTTCGAAACGAACCTAATATGAGATGAGTATATTTTAATG	910
Db	1693	ATTAATAAAGATTTAATTTAATTAATAAGAGCCCTGATAGTAATCTTGATGGAATATATA	1752
Qy	911	ATTATCGAAGATATATGACTATTACTGTATTTAGATACTATGCTCAATTTTTCTTTTATG	970
Db	1753	ACTGGAAACATACATACATACGTATCGAACAAAATAATGACTACTGCTGATTTAGTGTGTG	1812
Qy	971	ATATTAAGAGATCAAAAGATTCATATGGAAGAAATGTGGCATTTAAACTGAATCTACAA	1030
Db	1813	CAGCTTTTCTAAATATATGATGTAGGTAAATATCCAAATGGGTGTCMAACTGAACCTATCTC	1872
Qy	1031	GAGAAATTTATACAACTGAATAATTTTGAACCGCTTACTTACCTTGAAATTTCAACCCA	1090
Db	1873	GAGAAATTTAT-----CAGTACTTAACTTTCGAAGAAAGCCCTTATTAATATATATGAC	1925
Qy	1091	ATCTGCTATATAGGAATATATATTTAACAAGTTCAGGGCTTAGATTTATTTCAATTTTATG	1150
Db	1926	TTTCAATATCAAGAGATTCATCTTACAGATGACCGCATTTATTTACTTGCTGATTTCT	1985
Qy	1151	ATGAACCTTATTTTATACAAAAATGAAGGTACGGAATGCTTTAGTGGTATGGCA	1210
Db	1986	TTGAATTTTATGAAAAAGCCCAACTCTCTATTAATTTTTCACAGACCATATATAT	2045
Qy	1211	ATCGTAATAGATCTACTT-ATGCTACGACAGGAATGAAATTAATATATAGGAAGAAACA	1269
Db	2046	ATGTTTCACTACACCTGTGATTAATATATCCAAAAATCTAGTGTTTTGGAAATCACAT	2105
Qy	1270	GGTCCACCCCAACAACAAACTTTTATATACATTTGGAATCTTATTAAGTTTCAATTTGTACT	1329
Db	2106	GTAACGTGTAATTTAATTAATCTCTTGTTGGCAACAATATTTAATTTTTTTATTAAT	2165
Qy	1330	GATAGACAAGTAACTCTACTTCCCCTTTCCCTAACATATACCTTTACATTAATTCAAAT	1389
Db	2166	GTCATTAAGCTTAAGTAATTAATATATCTAATATGATTTAATTAATTAATGTAAGTAAGATTT	2225
Qy	1390	GAACTTATTTTAAATTAATTCACCTATGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTA	1449
Db	2226	TTTAAATACTAATGTATCTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGCAGGATCTGGGGAATTA	2285
Qy	1450	TCTATATGATTAATAAACAACATGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGAATCTGTAACCAAT	1509
Db	2286	ACTTATGATGTAATTAATAATTTTTCGGGTTTACCAATTTCTTAAACGAAGAGAAATCA	2345
Qy	1510	ATTAATCCAAATTTGTTTACCAAGCTATATATAGTTATAGTCATATTTTATCCAGTTTTCT	1569
Db	2346	GGAACCCCTACCCCTTTTCCAAATATGATATACATAAGCATATTTTATCAATTTATTTAA	2405
Qy	1570	TTATTTAATATATTTCTATTAATAATGGAATTTAGGCTTAATATTTATATACAGGTGATTA	1629
Db	2406	AGCTCTTAATATCC-----TGCACATATTAATACTCAAGTATATACGTTT	2456
Qy	1630	GGATGGAACACAGTATGTTTAAATGAATAATATGCAATATACGATTAATAATATATTCAN	1689
Db	2451	GCTTGGACACACTCTAGTGTGTGATCTTAAAAATCAATTTATATACATTTTATCTACCA	2511
Qy	1690	ATCCAGCAATCAAAAGTAAACAGTCTTGATACAACTGAAGTAATGAAGACCTGAT	1749
Db	2511	ATTCAGCTGTAAAGGCAATTCACITGGGACTGCTCTAAGGTGTTCAGAGACTGAT	2570
Qy	1750	CATACAGAGAGAAACTTGCTTATTTTACAAAGTCAAGGCGCTTTAGAGATTTACATGTAGA	1800
Db	2571	CATACAGAGAGGAGATTTAATGATTTCAAGATCA-----TTTCAAAATATACAGTCA	2624

QY	1810	ACTCGTAATTCACACAACTCTAATTTACCTGTAGACTGCTGATAGGCTAACAAATGGGCTGCA	1865
Db	2625	CACTCAAATTTTCACAAATCGTAATTTTATAGAAATTCGTATGCTTCAAATGGAAAGCGCA	2688
QY	1870	AATATCTCTCCTAAATATATCTTTACAAATACAGAGTAATAGGAATATCCACTCAACGA	1925
Db	2685	AATATCTCAGCTGTATTAATCTTAGATCTCCAGAGG---TAGACAGAACTGGGTATGGCA	2741
QY	1930	CTCAACAAACATTTTTCGTGTACAAATATATATTAATTTACATAGCGAGATTTGGGAT	1989
Db	2742	CTCAACCCCATTTTTCGTGTACGATTATACGAATTTAAATATTAAGATTTTCAAGAC	2801
QY	1990	TTCCAAATTCGAAGTACAGTAACATTAACCTTTAATCGAAACATACCAATTTATATTTAAT	2049
Db	2802	TTAGAAATTTTCTAAGAGGTGAATTTGGCTCAAAATCAAAATATATCTCTGTGTTAAT	2865
QY	2050	CGTCGACATGTAT--CAAAATCAATTTAATCATGTATAAATTTGAATTTATACAAAT	2106
Db	2862	CGTTCGAGTATATATACAAACACAAACGTACTTATTTGATTAATAATTTGAATTTCTGCAAT	2921
QY	2107	ACTTCCTCTGTACGCAAAATAGAGAAAACAAATAATAGAAACTATCAACAACAAAATA	2166
Db	2922	ACTCGTTCTATTAAGAGAGATAGAGAGAAACAAATTTAGAAACGTATCAACAAATATAT	2981
QY	2167	AATACATTTTTCACAAATCATACAAAAAATACTTTAAATATAGAGCCAAACATATGAT	2228
Db	2982	AATACATTTTATGCAAAATCCTATAAAAAACCTTACCAATCAGAACTTACAGATTTATGAC	3041
QY	2227	ATTGATTA 2235	
Db	3042	ATTAGATCA 3050	

Accession	Source	Organism	Accession	Source	Organism
AA093059	standard	DNA; 4571 BP.	AA093059		
AC	AA093059;		AC	AA093059;	
XX			XX		
XX			XX		
DT	27-AUG-2003	(revised)	DT	27-AUG-2003	(revised)
DT	25-MAR-2003	(revised)	DT	25-MAR-2003	(revised)
DT	30-MAY-1990	(first entry)	DT	30-MAY-1990	(first entry)
XX			XX		
DE	Delta-endotoxin crystal protein gene.		DE	Delta-endotoxin crystal protein gene.	
XX			XX		
KW	Delta-endotoxin; crystal protein; insecticide; pCH330; ss;		KW	Delta-endotoxin; crystal protein; insecticide; pCH330; ss;	
KW	biological control agent.		KW	biological control agent.	
XX			XX		
OS	Bacillus thuringiensis; israelensis.		OS	Bacillus thuringiensis; israelensis.	
XX			XX		
FH	Key	location/Qualifiers	FH	Key	location/Qualifiers
FT	RBS	879..884	FT	RBS	879..884
FT		/tag= b	FT		/tag= b
FT	misc_feature	/label= Shine-Dalgarno sequence.	FT	misc_feature	/label= Shine-Dalgarno sequence.
FT		891..4430	FT		891..4430
FT		/tag= a	FT		/tag= a
XX		/product= "delta-endotoxin crystal protein"	XX		/product= "delta-endotoxin crystal protein"
PN	EP296870-A.		PN	EP296870-A.	
XX			XX		
PD	28-DEC-1988.		PD	28-DEC-1988.	
XX			XX		
PF	24-JUN-1988;	88BP-00305772.	PF	24-JUN-1988;	88BP-00305772.
XX			XX		
PR	26-JUN-1987;	87US-00067653.	PR	26-JUN-1987;	87US-00067653.
XX			XX		
PA	(DUPO) DU PONT DE NEMOURS & CO E. I.		PA	(DUPO) DU PONT DE NEMOURS & CO E. I.	
XX			XX		
PI	Ellar DJ, Ward BS;		PI	Ellar DJ, Ward BS;	
XX			XX		
DR	WPI, 1989-001322/01.		DR	WPI, 1989-001322/01.	
DR	P-PSDB; AAP93715.		DR	P-PSDB; AAP93715.	


```

QY 1031 GAGAAATTTATACACGAAATTAATTTGACCGCTCTTACTTACCTTGAATTCACCCA 1090
DB 2351 GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAACTTCGAAAGAAAGCCCTCTAAATATATAGAC 2403
QY 1091 ATCCGCTATATAGGAATATATATTAACAGCTTCAGGGCTTAGATTTATTTTCAATTTTAA 1150
DB 2404 TTTCATATATACAGAGATTCCTTACAGTAGACCGCATTTATTTACTTGGCTTGAATTCCT 2463
QY 1151 ATGAATCTTATATTTATACAAAAATGAAAGTACGGGAATCGTTTAGTTGGTATGGA 1210
DB 2464 TTGGAATTTTATGAAAAAGCGCAACTACTCTTATATATTTTTCACCAAGCATTAATAT 2523
QY 1211 ATCGTAATAGATCTTCTT-ATGCTACGACAGAACTGAATTAATATATGAGAAAGACA 1269
DB 2524 ATGTTTCATTAACACCTTGATATATATATCCAAAAATCTAGTGTTTTGGAAATCACAAAT 2583
QY 1270 GGTCCACCCACACAAAAAATTATACATTTGAAATCTTAAAGTTTCAATTTGTAAT 1329
DB 2584 GTAACTGATTAATTAATTAATCTTGGTTGGCAAAATATTTTATTTTATTTAAT 2643
QY 1330 GATAGACAAAGTACTCTTCTTCCCTTTTCTTAACATATCTTTACAAATTAATCAAT 1389
DB 2644 GTCTAAGCTTAGATATATATATCTAATGATTTATATATATATATATATATATATATAT 2703
QY 1390 GAACCTTATTTAATTAATTCACCTAGTAAATTAATTAATCAATTCAGCTGGGGGGAATTTA 1449
DB 2704 TTATTAATTAATGTTAGTACTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGACAGATCTGGCAATA 2763
QY 1450 TCTATATATTAATAAAACACAGATTTTCAATTTCTGTGAAAAAAGACTGTAAACCAAT 1509
DB 2764 ACTATATGATTAATTAATAAATATTTTGGGTTTACCAATTTCTTAAACGAAAGAAATCA 2823
QY 1510 ATTAATCCAATTTGTTTACCAAGCTATATATAGTATATATTTTATCCAGTTTCT 1569
DB 2824 GGAATCCCTTACCTTTTCCAAACATATGATATACATATATTTTATTTTATTTTAA 2883
QY 1570 TTATTTAATTTATTCCTTAATAAATTTGATTAACGCTTAATATATATATATATATATAT 1629
DB 2884 AGTCTTATATATCC-----TGCACATATTAATACTCAAGTATATACGTTT 2928
QY 1630 GGATGACACACATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1689
DB 2929 GCTTGGACACACTAGTGTATCTTAAATTAATCAATTTTATACATTTTATACACCA 2988
QY 1690 ATCCAGCAATCAAGGTAACAGTCTTGATCAAACTCTAGTAAATTTGAAGACCTGGT 1749
DB 2989 ATTCAGCTGTAAAGCAATTCCTTGGGACCTGCTTCAAGGTTTCAAGGACCTGGT 3048
QY 1750 CATACAGAGGAACTTGGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTGAAGATTAATGATAGA 1809
DB 3049 CATACAGAGGGAATTTATGATTTCAAGATCA-----TTTCAAAATTAACATGTCAA 3102
QY 1810 ACTCTTAATTTACACATCTTATATACCTTGAATCGTACATCGCTACAAATGCTGCGA 1869
DB 3103 CACTCAATTTTCAACATCTGATATTTATTAAGATTCCTTATGCTTCAAAATGGAAGCGCA 3162
QY 1870 AATATCTCTTCTAATATATCTTCTTACCAATACAGAGTATATAGAAATCCACTCAACGA 1929
DB 3163 AATATCTGAGCTGTATATATCTTATATCTTATCCAGGGG---TAGCAAGCTGGGATAGCA 3219
QY 1930 CTCAACAACTTTTCTGATACAAATTAATTAATTTTACAAATCGAGATTTTGGGTAT 1989
DB 3220 CTCAACCCCACTTTTCTGGTACAGATATACGAATTTAAATTAAGATTTTCAAGTAC 3279
QY 1990 TTCCAAATTTCCAGTACAGTACATTAACCTTAAATGAAACATACCAATTTATTTATAT 2049
DB 3280 TTGAATTTTCTTAAAGAGTAAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTTGTGTATAT 3339
QY 2050 CGTCAAGATGAT---CAATTTCAATTTTATCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2106
DB 3340 CGTTGGATGTATATACAAACAAACAGTACTTATTTGATTAATTTGAATTTCTGCAATTT 3399

```

```

QY 2107 ACTTCTGTGACCGCAAAATAGAGAAACAAAAATTGAAATCTATCCAAACAAAAATA 2166
DB 3400 ACTGTTCTTATAGAGAGATATAGAGAAACAAAAATTGAAACAGTACAACAATTAAT 3459
QY 2167 AATACATTTTTCACAAATCTATACAAAAATATCTTAAATATATAGACCAACATCTGAT 2226
DB 3460 AATACATTTTATGCAAAATCTATTAATAAAACATTTTCAATCAGAACTTACAGATTAAG 3519
QY 2227 ATTGAATTA 2235
DB 3520 ATAGATCA 3528

RESULT 7
AAQ14669
ID AAQ14669 standard; DNA; 3543 BP.
XX
AC AAQ14669;
XX
DT 27-AUG-2003 (revised)
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 04-FEB-1992 (first entry)
XX
DE Dipteran active toxin gene.
XX
KW Insecticide; B.t.; crystal; delta endotoxin; cryIIA; ss.
XX
OS Bacillus thuringiensis serovar morrisoni.
XX
FH Key location/Qualifiers
FT CDS 1..3543
FT /*tag= a
XX
PN BP457498-A.
XX
PD 21-NOV-1991.
XX
PE 09-MAY-1991; 91EP-00304180.
XX
PR 15-MAY-1990; 90US-00524255.
PR 01-OCT-1990; 90US-00590903.
XX
PA (MYCO) MYCOGEN CORP.
XX
PI Sick AJ;
XX
DR WPI; 1991-341902/47.
DR P-PSDB; AAR14373.
XX
PT Bacillus thuringiensis genes encoding diptera-active toxins - and
PT transformed microbes used to control insects in various environments.
XX
PS Claim 1; Page 10; 20pp; English.
XX
XX
The sequence was obt'd. from plasmid pMYC1625 which was isolated from a
genomic library prep'd. from DNA from B.t. P871M3 [from B.t. P871M3-69
(NRRL B-18515)]. It is related to the cryIIA family of genes, the 140 kD
endotoxin gene and the type II gene from B.t. var. israelensis. The gene
encodes a 130 kD protein. Microorganisms transformed with the DNA may be
administered to dipteran insects or their environments, the expressed
toxin acting as an insecticide. See also AAQ14670-Q14672. (Updated on 25
field.)
field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS
field.)

Sequence 3543 BP; 1278 A; 567 C; 612 G; 1086 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 17.1%; Score 381.4; DB 2; Length 3543;
Best Local Similarity 52.8%; Pred. No. 5.6e-54;
Matches 1176; Conservative 0; Mismatches 971; Indels 82; Gaps 13;

QY 12 TAATTAATATGATATAGATTTATCGATTCGAAGATTTATCTTATCTTACAGAAA 71
DB 9 TTATCAAAATTAATAATGATATGAAACATTAATGCTTACAAAAAAATTAATATATATC 68

```

QY 72 TATGATCATTTCTAGTACCTTACACAAATATCAAAATGACCATTAACAAACAAA 131
 Db 69 TAAATATTTATACAGATATTCATATAGAAATATGTCACAAACATATTTATACAAAGTACAAA 128
 QY 132 TTACAAAGAGTGGCTCATATATGTGTCAAGGAAATACAAATATGTGTATATTTTCGAGAC 191
 Db 129 TTATAAAGATTTGGCTCATATATGTGTCAAGATACAGATATGTGTGAAGTTTGAAG 188
 QY 192 ATTTGCTAGTGTGTATACAAATGCTGAGTTAGTGCAGGTACTATTTGTATCCGGTACTCT 251
 Db 189 TTTTATTTGAT-----AGTGGTGAACCTGAGCTATCTATTTGATGTGGACCGT 239
 QY 252 GTTAGCCGGTATAGTGGGCTCAGCTTCTATATCCGGACCGGTAGGAATATAGGTGCTAT 311
 Db 240 ACTGACTGGT-----TTGGGTTTCAACAACCCCTTAGACTTGC 278
 QY 312 AATATATCTTTTGGTACCTTATCATCTGTCTTTTGGCCCGGAGAACAAACAAAAC 371
 Db 279 TTTATATGTTTGGTATATTAATACAGTTCTTTTCCAGCCCAAGCCAAATCTAACAC 338
 QY 372 AGATGACACATTTATTAATATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAAC- GAA 430
 Db 339 ---ATGGAGTACTTTATACAAACTTAAATAATTTAATAAAGAAATAGCATCAAC 395
 QY 431 GCATTAACAGCTTAAAGTTACAACTTTAGAAAGATTTAGCAAAATTTACAAAGCTATA 490
 Db 396 ATATATATAGTATCTATATTAATTAATTAACAGGTCGTTTATGTATACACACTTATCA 455
 QY 491 ATACAGACTTATGATGTAGAGAAATTTAAAGACTACAGCTCTCGATTTACACCAT 550
 Db 456 TAAATCACTTAAACATGGAGAAATATCCAAACCCAAATATCTCGAGATGTAAAG- 514
 QY 551 CATCAGACTTACAAAGAGTCCCTGACTTTAAATAATGATTTGAGATGTCAACATG 610
 Db 515 ---CACAAATCAGCTAGTTCATTAACATTTTCAAAATGTCAATTCAGAGCTTGAAACT 571
 QY 611 ATTTTATTCGAAATACCTGTGTTCCAACTTGAACCTTATTAACGCTATTTACTACTA 670
 Db 572 CTGTCTCTCTTATCTAGTATGTC-----GATTCATTAACATTAATCTATTTATCTA 625
 QY 671 TTTATGCGCAGCTCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGAGTCTGAATTTGGCTG 730
 Db 626 GTTATGCAAGGCAAGCACTTACATCTGACTGTATTAATCAAGCCGTCAAAATTTGAAG 685
 QY 731 ATGAATGGAATGCAATATACATCTTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAATG 790
 Db 686 CGTATTTTAAAAACAATGCAATTCGATTTATTAAGCCTTTGCG---AACAGCAATTG 742
 QY 791 ACTATTTTAACTTTTAAAAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 850
 Db 743 ATTTATTTCCAGTATGTACTAAGCTATTAAGATTAACATTAATTTATTTTAACTT 802
 QY 851 ATGAGAGAGACTAATTAATTTCTGAAACGAACCTTAATATGAGATGAGATATTTATTAATG 910
 Db 803 ATAAAAAGATTTAATTTAATTTAATAAGAGCCCTGATGTATTAATTTGAATTAATA 862
 QY 911 ATTAATGGAATATATGATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 970
 Db 863 ACTGGAACACATTAATCTGATCGAACAATAATGACTACTGCTGATTAATTAATCTGTTG 922
 QY 971 ATTAATGGAATATATGATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 1030
 Db 923 CAGCTTTCTTAATTTATGATGTAGTAAATATCCAAATGTGTCCAAATCTTAACCTTATC 982
 QY 1031 GAGAAATTTATACAACTGAATTAATTTTGAACCGCTTACTTACTTCTTGAATTTCAACCA 1090
 Db 983 GAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATTTTGAAGAAAGCCCTTAATTAATTTATTAAC 1035
 QY 1091 ATCTGCTATATATGAAATATTAATTTAACACGTTCCAGGCTTGAATTTTCAATTTTATG 1150
 Db 1036 TTTCAATATCAAGAGATTCCTTAACGATAGACGCAATTTATTTACTTGGCTGATTTCT 1095

QY 1151 ATGAACCTTATTTTATACAAAATGAAACGTACGGAAATCGTTAGTGTGATGGA 1210
 Db 1096 TTGAATTTTATGAAAAAGCCAACTACTCTTAATTAATTTTTCACCAAGCATTAAT 1155
 QY 1211 ATCGTAATTAATCTACTT-ATGCTACAGACGAACTGAATTAATTAATGAGAAAGACA 1269
 Db 1156 ATGTTTCAATACACATTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1215
 QY 1270 GGTCCACCCACACAAAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1329
 Db 1216 GTAACTGATTAATTAATTAATCTGTGGTTGGCAAAAATTAATTAATTTTATTAAT 1275
 QY 1330 GATGACAAAGTAACTCTTACTTCCCTTTTCTTAACATTAATCTTAAATTAATTAATTAAT 1389
 Db 1276 GTCAATAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1335
 QY 1390 GAACTTATTTAATTAATTAATCACTAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1449
 Db 1336 TTTATTAATTAATGTTACTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTAACAGAGATCTGGCAATA 1395
 QY 1450 TCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1509
 Db 1396 ACTTATGATGTAAATTAATTAATTAATTTTGGGTTCAAATTTCTTAACCAAGAGAAATCA 1455
 QY 1510 ATTAATCCAAATGTATACCAAGCTAATATAGTATATGATATTAATTAATTAATTAATTAAT 1569
 Db 1456 GCAATCCCTAACCTTTTCCAAATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1515
 QY 1570 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1629
 Db 1516 AGTCTATGTTATCC-----TGCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560
 QY 1630 GGATGACACACAGTATGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1689
 Db 1561 GCTTGGACACACTCTAGTGTGATCTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
 QY 1690 ATCCGACAAATGAAGGTAACAGTCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1749
 Db 1621 ATTCAGCTGTAAGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1680
 QY 1750 CATACAGAGAAACCTTGTTATTTTAAAGTCAAGGAGGCTTTAGAGATTAATTAATTAATTAAT 1809
 Db 1681 CATACAGAGAGGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1734
 QY 1810 ACTCTAATTTTACAACTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1869
 Db 1735 CACTCAATTTTCAACAATGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1794
 QY 1870 AATCTCTTCTTATATATCTCTTACAAATACAGAGGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1929
 Db 1795 AATACAGAGCTGTTAATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1851
 QY 1930 CTCAACAACCTTTTCTGTGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1989
 Db 1852 CTGAACCCACTTTTCTGTGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1911
 QY 1990 TTCCAAATTTCCAGTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2049
 Db 1912 TTGAATTTTCTTAACGAGGTAATTTGCTCAAAATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1971
 QY 2050 CGTGCAGATGAT---GAAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2106
 Db 1972 CGTTCGATGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2031
 QY 2107 ACTTCTCTGTACGCCAAATTAAGAAACAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2166
 Db 2032 ACTGTTCTTAATTAAGAGATAGAGAAACAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2091
 QY 2167 AATACATTTTCACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2226
 Db 2092 AATACATTTTATGCAAAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2151
 QY 2227 ATTGATTTAA 2235

Qy	1390	GAACCTTATTTAAATNATTCACCTAGTAATTAATTAACAATATTCAGCTGGGGGAATTTA	14439
Db	1336	TTTAACTAAATGATGACTGACTTTGGAGAAAGAACTTACAGCAGGATCTGGGCAATA	1395
Qy	1450	TCTATGATATAAAAAACAACATGATTTTCAATTTCTCTGTAATAAAAAAGACTGTAAACAAT	1509
Db	1396	ACTTATGATGTAAATATAATATTTTGGGGTTACCAATCTTAAACCAAGAGAAATCA	14555
Qy	1510	ATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTATATAGTTATATGATCATTTTATATCCAGTTTCT	1569
Db	1456	GCAATCCCTACCCCTTTTCCAAACATATGATATACATAGTCATATTTATATTATAA	1515
Qy	1570	TTATTTATTTATTCCTATATAAATTTGGATTAGCCGCTAAATATATATATATACAGGTGACATTA	1629
Db	1516	AGCTTTATATATCC-----TGCACATTTAAACCTCAAGTGTATACGTTT	1560
Qy	1630	GGATGGAACAACAGTATGTTATATAGAAATATGCAATATGCAATATCAATATATTAACATG	1689
Db	1561	GCTTGGACACACTGATGTTGATTCCTAAATATACATTTTATACATTTTATACATCCCA	1620
Qy	1690	ATCCCAAGCAATCAAAAGGTATACAGTCTTGATACAACTCAAGTATTTGAAGACCTGGT	1749
Db	1621	ATTCAGGTATATAAGCAATTCACCTTGGACGTGTTCTTAAGTTGTTCAAGACCTGGT	1680
Qy	1750	CATACAGAGGAAACTGGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTAGAGATTACATGTAGA	1809
Db	1681	CATACAGAGGGGATTATATGATTTCAAAATCA-----TTTCAAAATATACATGTCAA	1734
Qy	1810	ACTCTATTTCTACCAATCTTATTTACATTAGACTTCGATACGCTACAAATGTCGTGGA	1865
Db	1735	CACCTAAATTTTCAACATCGATTTTATAGAAATTCGTATGCTTCAATGGAAGCGCA	1794
Qy	1870	AATACCTCTCTAATATATCTCTTACATATACAGAGATATAGGAATACCACTCAACGA	1929
Db	1795	AATACAGAGCTGTATATAATCTTATGATATCCAGGCG---TAGCAAACTGGGATGCGCA	1851
Qy	1930	CTCAACAAACACTTTTCTGTGACAAATTTATATATATTTACATACGAGATTTTGGGTAT	1989
Db	1852	CTCAACCCCACTTTTCTGTGACGATTATACGAATTTAAATATATAAGATTTTCAGTAC	1911
Qy	1990	TTCCAAATTTCCAGTACGTACATTAACCTTTAAATGAAACATACATTAATATTTAT	2049
Db	1912	TTAGAAATTTCTACAGAGGTGAATTTCTCCAAATCAAAACATATCTCTGTGTTAT	1971
Qy	2050	CGTGCAGATGTAT---CAAAATTCATTTTAAATCATGTAATAAATGAATTTATACCAAT	2106
Db	1972	CGTTGGATGATATACAAACACACACAGTACTTATGTATATAATGTAAATTTCTGCCAAT	2031
Qy	2107	ACTTCCTCTGTACGCCAAATATAGAGAAAACAAAATTTAGAAACTATCCAAACAAAATA	2165
Db	2032	ACTGCTTCTATATAGAGAGGATAGAGAGAAACAAAATTTAGAAACGTACACAAATATTT	2091
Qy	2167	AATACATTTTTCACAAATCATACAAAAAATACTTTAAATATAGAACCAACAACTATGAT	2228
Db	2092	AATACATTTTATGCAAAATCTATATAAAAAACCTTTACATACAGAACTTACAGATTATGAC	2151
Qy	2227	ATGATTTAA 2235	
Db	2152	ATGATTTAA 2160	

RESULT	9
AAQ14670	
ID	AAQ14670 standard; DNA; 2061 BP
XX	
AC	AAQ14670;
XX	
DT	27-AUG-2003 (revised)
DT	25-MAR-2003 (revised)
DT	04-FEB-1992 (first entry)
XX	
DE	Dipteran active toxin gene.
XX	

KM	Insecticide; B.t; crystal; delta endotoxin; cryIIVC; ss.
XX	
OS	Bacillus thuringiensis serovar morrisoni.
XX	
FH	Key location/Qualifiers
FT	CDS 1..2028
XX	/+tag= a
XX	
PN	EP457498-A.
PD	21-NOV-1991.
XX	
PF	09-MAY-1991; 91EP-00304180.
PR	15-MAY-1990; 90US-00524255.
PR	01-OCT-1990; 90US-00590903.
PA	(MYCO) MYCOGEN CORP.
XX	
P1	Sick AJ;
DR	WPI; 1991-341902/47.
DR	P-PSDB; AAR14374.
XX	
PT	Bacillus thuringiensis genes encoding diptera-active toxins - and transformed microbes used to control insects in various environments.
PS	Claim 1; Page 15; 20pp; English.
CC	The sequence was obt'd. from plasmid pMYC1636 which was isolated from a genomic library prep'd. from DNA from B.t. PS71M3 [from B.t. PS71M3-69 (NRRL B-18515)]. It is related to the cryIIC from B.t. var. israelensis.
CC	The gene encodes a 77 kD protein. Microorganisms transformed with the DNA may be administered to dipteran insects or their environments, the expressed toxins acting as an insecticide. See also AAQ14669-Q14672..
CC	(Updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.) (updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX	
SQ	Sequence 2061 BP; 779 A; 331 C; 319 G; 632 T; 0 U; 0 Other;
<hr/>	
Query Match	9.9%; Score 221; DB 2; Length 2061;
Best Local Similarity	49.4%; Pred. No. 1.9e-27;
Matches 1090; Conservative	0; Mismatches 942; Indels 174; Gaps 13.
OY	14 ATAAATAATGAAATGAGATTATCGATTCGAAGAATTTTATCTTATCCTTAACAGAAATA 73
Db	11 ATCAAAATAGAAATGAAATATGAATATTCATTCATGCCTCATCCAATGGTTTTAGCAAGTCTA 70
OY	74 TTGATCATTTAGATACCCTTACA CAATAATCCAAATCAA CATTACAAAACCAAAATT 133
Db	71 ATAACATATTAGATATTCATTACCAATAATAGCCAAATCAACACTGAAAAAACGAAATT 130
OY	134 ACAAGAAGTGCTCAATATGTGTCAAGGAATACCAATATGTGTATTAATTTCCAGACAT 193
Db	131 ACAAGAATGTGCTCAATGTGTGTCAAGATATCAACAATATATGCGAATATATCGGGGAATT 190
OY	194 TTGCTAGTGCATATCAATTTGCTCAGTTAGTAGCAGGATCAATTGTATCCGGTACTCTGT 253
Db	191 TTGTTAGTTCTGAAACATATTTTGGAGTTATGTGACAGGATATTTGTATGTAGGAACATATGT 250
OY	254 TAGCCGGATATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGAAATATATAGTGTCTATPA 313
Db	251 TAGGAGCTTTTGCTGCC-----CTGTCTTACCTGACGTA 286
OY	314 TAATATCTTTTGTGTAACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGGAGAACAAACAAAACAG 373
Db	287 TAATATCTTTTGTGGACTTTGTGTCCGATCTTTTGGCAAGATCTGACCTG--CAATATG 343
OY	374 TATGACACAAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAACAGAAACGA 433
Db	344 TTGTGCAAGATTTTGTATTAACATGCGAGGAAGCGCTATATCAAGAAATATGATTAATAACATPA 403
OY	434 TAAACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGAAGATTAGACAATATTTACAAATGCTATATAA 493

```

Db      404 TTAATGTACTAACTT-----CTATCGTAACCTATATAAAATCACTGTGATAATATC 457
Qy      494 CAGCATAGATGATGGAGAAATTTAAAAAGACTACAAAGCTCTGATTAACCATCAT 553
Db      458 AAGAAATTTTGGTAATGGAGCCAGACGTACACACGTAAATGCTAAAGCACTA-CAT 516
Qy      554 CAGCATTAACAACAGCTGCTTGA-CTTTAAATACGATTTGAGATGTTTCAAAATGTT 613
Db      517 GATCTCTTACTACTTAAAGAACTATATATGATTAAGATTTAGATTATGTTAAAA----- 571
Qy      614 TTATTCGAGAAATACGTGTTTCCAACTTGAACCTATATAACCTATTACTACTATT 673
Db      572 -----ATAATGCTAGCTATCGAATACCAACACTCCCTGCAT 607
Qy      674 ATGCGAAGCTGCTAATTTTCAATTTAAATTTATTAACAACAGAGTCTGAATTTGCTGATG 733
Db      608 ATGACAAATAGCTACTTGGACATTTGAATTTATTAACACATGCTGCTACCTATTAACAATA 667
Qy      734 AATGGAATGCAGATATACATCTTCAACAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACT 793
Db      668 TATGCTGCAAAATCAAGGTATTAATCCAGTACTTCAAT-----TCACTATTAATCT 721
Qy      794 ATTAATACTTTTAAAAAAATATACCTAATATATAGTAATTAATTTGCAAAATACCTATA 853
Db      722 ATGCGGCTATTTAAACGTAAATATACAGAAATATAGTACTAATTTGTAATACAAACGTACA 781
Qy      854 GAGAGAGCTAATATAA-CTTGAACGAACTAATATAGATAGATATATTTATATGATT 913
Db      782 ATGACAGACTA-CTATGATTTAGAACTAATTA-CTTAACGACACATGGAATATGATTAATCTT 841
Qy      914 ATGCAAGATATATAGCTATTA-CTGTATATAGTATGATCTCATATTTTCTTTTATGATA 973
Db      842 ACCCTTTAGAAATAGCTTA-CTGTATGATCTTATGATTTTCCAAATATATGACC 901
Qy      974 TAAAGATTAACAAGATTCAATAGAAAGAAATAGGTGGATTAACCTGAATTTTCAAGAG 1033
Db      902 CAGAAATA-----TCCAAATAGAGTTAAATCTGAACTTTCAGAG 943
Qy      1034 AATTTTATCACTGAATAATATTTTGA-CCGTCTTACTTACCTTGAATTTCAACCAATC 1093
Db      944 AAGTTTATGCAATGTTTATTCAGATACATTAGAACATACAGAACTAGAA----- 996
Qy      1094 TCGCTATATAGGAATATATATTTAA-CAGCTTCAGGGCTTAGATTATTTTCATTTTATGATG 1153
Db      997 -----AATGATTTA-CTAGAAATCTCA-CAATTA-CTTATTA-CTGATTAAC 1039
Qy      1154 AACTTATATTTTATACAAAATATGAACGTACGGGAATCGTTTATGTTTGGCAATC 1213
Db      1040 AAGGCGCTTTTATACAAAGAAATTTCTCGAGACATTTCTGATCCTTATGATATTTTCTT 1099
Qy      1214 GTAATAGATCTACTTATGCTACGACAGGA-CTGAATATATATATGAGAAAGAACAGGTC 1273
Db      1100 TTACAGGTACCAAGATGCGCTTTTACACATTA-CTAATGATGATCGCAACATTAATCTGGGAG 1159
Qy      1274 CACCACACAAACAACTTAAATACATTTGAATCTTAAAGTTTCAATTTGTAACGTATA 1333
Db      1160 CGGTTCAATGACATATATTTCTCAAGACACATCAAAAGTATTTCTTTTATAGAAACA 1219
Qy      1334 GACAGATACCTCACTTCCCTTTTCTTA-CAATATCTTATTA-CTTATTA-CAAAATTTGAC 1393
Db      1220 AACCTATTTGATAGGTGCAAAATTTGTCAGACATAGAGTACTCAGATATTAATATATGAAA 1279
Qy      1394 TTTATTTAAATTAATTCACCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1453
Db      1280 TGAATATTTTTCGAATATGCAAGTGAATATTTTCGATTTTCAATTTCAACAAATAGAAA 1339
Qy      1454 ATGATAAAAAAACAAGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAAGACTGTAAACCAATTTATA 1513
Db      1340 ATATATTTTAAAGAACTGATTTCTTATATGATTTCCAAATCAAAACATGGAATAATTAAGAT 1399
Qy      1514 ATCAAATTTGTTTACCAAGCTATATATAGTATATGCTATATTTTATCCAGTTTCTTTAT 1573

```

```

Db      1400 ATGCTATACCTATATGATATATAAAATCTGATATATATATTTTC----- 1445
Qy      1574 TTAATTAATTCCTATTAATAATTTGATTTAGCGCTAATATATATATATATACAGGTGATGAT 1633
Db      1446 -----AGTAGTTAGAAAAGAAAGAGAGTTGCTTTAGTT 1480
Qy      1634 GGAACACAGTATGTTTATAGAAATATATGCAATATATCAGATTAATAATTAATTAACATATCC 1693
Db      1481 GGAACATATCTATGTTGATTTTCCAAAAATACATATATATTTAGTTAATCAATCAACCAATCC 1540
Qy      1694 CAGCAATCAAAAGGTAA-CAGCTTGATACAAACCTATAGGAAATTTGAAGACCTGTCATTA 1753
Db      1541 ACAGCTCAAAAGCTTTGAAGGTAGTTCTGATTCGAAAAATTTGAAAGGCTCTGGTCA-CA 1600
Qy      1754 CAGAGAAACCTTGTTTATTTTACAAAGTCAAGGCGTTTATAGATTATTA-CTATGAACTC 1813
Db      1601 CAGGTGAGACTTGTATATTTCTTAAAGATATGATATGATTTTAAAGTTATTTTAAAAA 1660
Qy      1814 CTATTTCTACACAACTTATTTACATTAAGACTTGAATACGTTACAAATGGTGTGAAATA 1873
Db      1661 ATGTTTCTGACAA---TATCAGATACGTAATTCGTATGCTACTAATGCTCCAAAGACAA 1717
Qy      1874 CTCTCTAATATATGCTTTACAAATACAGAGTAATTAAGGAATACACCTCAACGACTCA 1933
Db      1718 CAGTA--TTCTTAACCGGAATAGATCTATATAGTGGAGCTCCTTA-CTGACACTTCCG 1775
Qy      1934 ACAACATTTTCTGTGACAAATTAATTAATTTTACATATACGAGATTTTGGTATTTCC 1993
Db      1776 CCAAAAC-----CCAAATGCTACAGATTTTACATATATGAGATTTTGGATATGTA 1825
Qy      1994 AATTTCCAGTACAGT-----AACATTA-CTTTAAATGGAACATACCAATTTATAT 2044
Db      1826 CATTTCCAGAGACAGTCCCAATTAACAAATTTGAAGAGAGACACTTTATATATACCT 1885
Qy      2045 TTAATGTCAGATATGATCAAAATTTCAATTTTATCAATTTGATTAATAATTTGAATTAACCA 2104
Db      1886 TATATGATACCAAAATCATTCAATATATATATATATATATGACAAATTCGAATTTATTCAA 1945
Qy      2105 TTACTTCTCTGTACCCCAAAATATAGAGAAAAACAAAAATTTAGAACTATTCACAAACAAAA 2164
Db      1946 TCATCTCAATCTGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATG 2005
Qy      2165 TAAATACATTTTTCACAAATCATACAAAAAATCTTTAATATATAGA 2210
Db      2006 TGAATATTTATTTGTTAATTAATAACAAAGTTCTTACTAATAATAGA 2051

RESULT 10
AA081180
ID      AA081180 standard; DNA; 2061 BP.
XX
AC      AA081180;
XX
DT      25-MAR-2003 (revised)
DT      12-AUG-1995 (first entry)
XX
XX      B. t. toxin PS7IM3 gene.
XX
KW      Delta-endotoxin; crystal protein; biological control agent; Calliphoridae;
KW      screw-worm; sheep blowfly; Lucilia; Phormia; Calliphora; insecticide;
KW      pesticide; B.t.; ss.
XX
OS      Bacillus thuringiensis.
XX
PN      MO502694-A2.
XX
PD      26-JAN-1995.
XX
PF      13-JUL-1994; 94MO-US007902.
XX
PR      15-JUL-1993; 93US-00093199.
XX
PA      (MYCO ) MYCOGEN CORP.

```

XX Hickie LA, Payne J;
XX WPI, 1995-067338/09.
DR P-PSDB; AAR63079.

PT Method for controlling Caliphoridae pests - specifically ucellises
XX Bacillus thuringiensis isolates or toxins.

PS Disclosure; Page 42-43; 50pp; English.

XX A library was constructed from *Bacillus thuringiensis* P571M3 total
CC cellular DNA in lambda Gem-11. Plasmid pMYC1636, selected in *Escherichia*
CC coli, contained a 15 kb insert expressing a beta-endotoxin gene. This was
CC sequenced (AA081180). A cured, acrycallyiferous B.c. host carrying
CC pMYC1636 produced a 77 kDa crystal protein (AAR63079). (Updated on 25-MAR
CC -2003 to correct PN field.)
XX

SO Sequence 2061 BP; 779 A; 331 C; 319 G; 632 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 9.9%; Score 221; DB 2; Length 2061;

Best Local Similarity 49.4%; Pred. No. 1.9e-27;

Matches 1090; Conservative 0; Mismatches 942; Indels 174; Gaps 13;

```

Oy 14 ATAAATGAATATGAGATTCATTCAGAAATTTATCTTATCTTCTAAGAAATA 73
Db 11 ATCAAAATAGAAATGAAATATGAAATATTCATGCTCCATCCATGCTTTAGCAAGCTTA 70
Oy 74 TTGATCATTCAGATACCTTACACAAATTAATCCAAATCAACATTAACAAACAAAT 133
Db 71 ATAACTATTCATGATATCATTAAGCAATTAAGCCAAATCAACATGAACAAACGAAT 130
Oy 134 ACAAAGATGCTCAATATGCTCAAGGAATACAAATATGCTATATTTGAGACAT 193
Db 131 ACAAAGATGCTCAATATGCTCAAGGAATACAAATATGCTATATGCTGAGGAAT 190
Oy 194 TTGAGATGCTGATCAATGCTGCAATGAGTATGAGTATGATCCGCTATCTGT 253
Db 191 TTGATGCTGCAATATGCTGCAATGAGTATGAGTATGATGAGAACTATATG 250
Oy 254 TAGCGGATATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGACCAATAGAAATTAATAGGCTATTA 313
Db 251 TAGAGGCTTTGGCTGCC-----CTGCTTAGCTGAGGTA 286
Oy 314 TTAATCTTTTGGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCCGGAGAAACAAACAAAG 373
Db 287 TTAATCTTTTGGGACTTGTGTCGATCTTTGGCAAGATCTGACCTG---CAATG 343
Oy 374 TATGACACAATTTTAAATAGGAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAACA 433
Db 344 TTGGCAGGATTTGTTAAACATCGAGAGAGGCTTATACAGAAATAGATTAACATTA 403
Oy 434 TAAACACGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATATTAACAAAGCTTAATA 493
Db 404 TTAATGTAATACTT-----CTATCGTAACCTTTAAATTAATCACTGATTAATATC 457
Oy 494 CAGCATTAAGATATGAGAAATTTAAAGACATCAAGCTCTGAGATTACCAACATAT 553
Db 458 AAGATTTTTCGATTAATGAGGAGCAGACATGACACGCTAATCTTAAGAGTA-CAT 516
Oy 554 CAGCATTAACAAACGCTGCTTACTTTAAATATGATTTGAGATGCTCAATGAT 613
Db 517 GATCTCTTACTAAGACCTTAATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTA 571
Oy 614 TTATTCGAGAAATACCTGCTTCAACTGAACTTAATAACGCTATTAATCACTATTT 673
Db 572 -----ATAATGCTAGTATGAGATTAACACACATCCCTGAT 607
Oy 674 ATGCGCAAGCTCTTAATTTTCAATTAATTTTACACAGAGTGTGAATTTGGCTGATG 733
Db 608 ATGCAAAATAGCTTCTGCACTTGAATTTTAAACATCTGCTATTAATTAACAATA 667
Oy 734 AATGAAATGCAATATCTTCTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATGATGAT 793

```

```

Db 668 TATGCTGCAAAATCAAGATTAATCAAGTACTTCAAT-----TCATCTAATACT 721
Oy 794 ATTATTAACCTTTTAAAGAAATTTACCTAATATAGTACTATTTGGCAATACTTA 853
Db 722 ATCAGGCTATTTTAAACGTAATTAACAGAAATTTACGCTATTTGATTAACAAACGTA 781
Oy 854 GAGAGGACTTAATTAACCTTGAACGAACTAATATGATGAGATTAATTAATGAT 913
Db 782 ATGAGGACTTAATTAACCTTGAACGAACTAATTAATTAACGAACTAATTAATTAAT 841
Oy 914 ATCAAGATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 973
Db 842 ACCGTTAGAAATGATCTTAATCTGTTAGATCTTAATTTGATTTTCCAAATATAGCC 901
Oy 974 TAAAGATTAACAAAGATTAATTAAGAAATGATGCTGATTAATTAATTAATTAAT 1033
Db 902 CAGAAATA-----TCCATATGAGATTAATCTGAACCTTACAGAG 943
Oy 1034 AAATTTATCAACGAAATTAATTTTGACGCTTACTTACCTTGAATTAACCAATC 1093
Db 944 AAGTTATAGAAATGTTAATTCAGATTCATTAGAACCAATTAACAACTAGAA----- 996
Oy 1094 TCGCTAATATGAAATTAATTAATTAACAGTTCAGGCTTGAATTTTCAATTTTATGATG 1153
Db 997 -----AATGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1039
Oy 1154 AACTTAATTTTATTAACAAAAATGAACGTAACGGAATCGTTTATGTTATGGAATC 1213
Db 1040 AAGGCGCTTTTATTAACAAAAATTCGAGACATTTCTGATCTTAATGATATTTTCTT 1099
Oy 1214 GTATATGATCTAATTTATGCTACAGAGAACTGAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1273
Db 1100 TTAAGGTAACCAAGATGCTTTTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1159
Oy 1274 CACCACAAACAAACCTTAAATCAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1333
Db 1160 CGGTTCATGACATTAATTTCTCAAGACATCCAAAGTATTTCTTTTATTAAGAAACA 1219
Oy 1334 GACAAGTACTCTTAATCTCCCTTTTCTTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1393
Db 1220 AACTTATGATTAAGGTAATTTGTCAGACATTAAGAGTACTAGATTAATTAATTAAT 1279
Oy 1394 TTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1453
Db 1280 TGATATTTTTCGAATTAAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1339
Oy 1454 ATGATTAATAAACAATGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACGTTAAACCAATTAATTA 1513
Db 1340 ATTAATTAATAAAGATGATTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1399
Oy 1514 ATCCAAATTTGTTTCAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1573
Db 1400 ATGTCATACTCTATCGTAATTAATAAAGCTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1445
Oy 1574 TTAATTAATCTTAATAATTTGATTTAGGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1633
Db 1446 -----AGTATTAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAGAAAG 1480
Oy 1634 GAGACACAGTATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1693
Db 1481 GAGACATTAATGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1540
Oy 1694 CAGCAATCAAAAGGTAACGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1753
Db 1541 ACGCTTAATAAGCTTTGAAGGTAAGTTCTGATTCGAAATATGTAAGAAAGCTGCTGTCACA 1600
Oy 1754 CAGAGAAACCTGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1813
Db 1601 CAGGAGGACTTGGTAAATTTTAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1660
Oy 1814 CTAATTTCAACAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1873

```

Db	1661	ATGTTTCTCGACAA---TATCAAGTACTATTCTGTATGCTATCTATGCTCTCCAAAGACA	1717
Qy	1874	CTCTTCTTAATATATCTCTTAACAATACGAGAGTATATAGAAATACCACTTCACAGCTCA	1933
Db	1718	CAGTA--TTCTTAACCGGATATAGTATCTATATAGTGTGAGCTCCTTAGTACCATTCCTCG	1775
Qy	1934	ACAACACTTTTCTGTGTCAATATATATATTTACATACGGAGATTTGGGTATTTCC	1993
Db	1776	CCAAAC-----CCAAATGCTACAGATTTAACATATACGATTTTGGATATGTAA	1825
Qy	1994	AATTTCCAGTACAGT-----AACATTAACCTTTAAATCGAAACATACATTTATAT	2044
Db	1826	CATTTCCAGAACAGTTTCCAAATATAAACATTTGAAGGAGAAACACTTATATATATGACT	1885
Qy	2045	TTAAATCGTGCAGATGTATCAAAATTCATTTTATCATATGATATAAATTGAATTTATACCA	2104
Db	1886	TATATGTGTACCAAAATCATTCATATATATATATATATATATGACAAATATGAAATTTATCCAA	1945
Qy	2105	TTACTTCTCTGTGTACGCCAAATATGAGAAAAACAAAATTGAAATCTATCCAAACAAA	2164
Db	1946	TCACCTCATCTGTATTAGATATATACAGAGAAACAAAATATGAAAAAACACAGAAATATG	2005
Qy	2165	TAAATPACATTTTCACAAAATCATCAAAAATATCTTTAAATATAGA	2210
Db	2006	TGAATGATTTATTTGTATATTAACAAAGTCTTACTATAATATAGA	2051

RESULT	11
AA50525	
ID	AA50525 standard; DNA; 3756 BP.
XX	
AC	AA50525;
XX	
DT	24-OCT-2003 (revised)
DT	25-MAR-2003 (revised)
DT	23-OCT-1991 (first entry)
XX	
DE	Bacillus thuringiensis var. israelensis endotoxin insert in plasmid pSV367.
XX	
KW	Endotoxin; insecticide; ss.
XX	
OS	Bacillus thuringiensis serovar israelensis.
XX	
PN	EP153166-A.
XX	
PD	28-AUG-1985.
XX	
PF	15-FEB-1985; 85EP-00301017.
XX	
PR	22-FEB-1984; 84US-00582506.
PR	22-JAN-1985; 85US-00693556.
XX	
PA	(SYTR) SYNTRO CORP.
XX	
PI	Walfield AM, Pollock TJ;
XX	
DR	WPI; 1985-211724/35.
XX	
PT	Polypeptide active against Diptera insects - prepd. from DNA sequence coding for BtI endotoxin using bacterial host.
XX	
PS	Disclosure; Page 15a-e; 27pp; English.
XX	
CC	The B. thuringiensis var. israelensis endotoxin insert in pSV367 is expressed in a bacterial host. The protein produced has insecticidal activity against dipteran insects. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.) (Updated on 24-OCT-2003 to standardise OS field)
CC	
XX	
Sequence	3756 BP; 1379 A; 566 C; 659 G; 1150 T; 0 U; 2 Other;
Query Match	9.4%; Score 211.2; DB 1; Length 3756;
Best Local Similarity	49.8%; Pred. No. 7.8e-26;

Match	1101	Conservative	0	Mismatches	928	Indel	183	Gaps	15
QY	11	ATAATAATGAATGATGATTAATCGATTCAAGAAATTTATCTTATCTTCTTCAACGAA							70
DB	954	AAAATGAAGATGATATGAAATATATTCATGC-----TCATCGAATGGTTTATGCAAGT							1007
QY	71	ATATTGATCATTTCTAGATACCCCTTACCAAAATATCCAAATCAACCTTTCACAAACGAA							130
DB	1008	CTAATTAATCTATTCTAGATATTCATTACCAATATAGCCAAATTCACCACTGAAAAACGCA							1067
QY	131	ATTCAAAAGATGGCTCAATATGTCGAAGGAAATACAAATATGGATTAATTTGAGA							190
DB	1068	ATTCAAAAGATGGCTCAATATGTCGAAGGAAATACAAATATGGATTAATTTGAGA							1127
QY	191	CATTTCAGTGTCTGATACAAATTCGCTCAGTATGTCAGGTACTATTGTATCCGGTACTC							250
DB	1128	ATTTTTCGATGCTTGAAACATATGTTGGAATGTGTGACAGGATATTAATGTTAGTAGAATA							1187
QY	251	TGTTAGCCGGTATATGTTGGGCTCACTTCTATATCCGACCGATATGGAATATATGTCCTA							310
DB	1188	TGTTAGGAGCTTTTGTGCGCC-----CTGTCTTATGCTGCAG							1223
QY	311	TAATATATCTTTTGGTATACCTATCACTGCTTTTGGCCGGGGGGAACAAGACAAA							370
DB	1224	GTAATATATCTTTTGGGACTTTGTTGGCAATCTTTTGGCAAGATCTGACCCCTG--CAA							1280
QY	371	CAGTATGACACAATTTATTTAAATGGAGAAATTTTGTGTATACCCGTTACAGAAA							430
DB	1281	ATGTTTGGCAGGATTTGTTAAACATGGAGGAGGCCCTATACAGAAATATGATTAACAA							1340
QY	431	GCATTTAAACGCTTAAAGTTACAACTTTAGAGGATTTAGACAAATATTTACAAAGCTATA							490
DB	1341	TAATTAATGTACTACTT-----CTATCGTACCACTTAATAAAATCAACTGATTAAT							1394
QY	491	ATPACGCAATTAGATGTGGAGAAATTTAAAGACATACAGCTCCCGGATTTACCAAT							550
DB	1395	ATCAAGATTTTTCGATTAATGGAGCGCAGACGTCACACGCTAAATGCTTAAGACATA-							1453
QY	551	CATCAGCATTAACAACAGCTGCCTTGACTCTTAAATATACATTTGGAGATGTTCAACATG							610
DB	1454	CATGATCTCTTACTACCTTATGAAACCTATATATGATTAAGATTTAGATGTTAAAAA--							1511
QY	611	ATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCAACCTGAACTTATTAACGCTATTAATCTATA							670
DB	1512	-----ATAATGCTATCTATCGAATACCAACTCCCTG							1544
QY	671	TTTATGGCGAAGCTGCTATTTTCATTTAATTTATTTATACAAAGGTCGAAATGGCTG							730
DB	1545	CATATGCAAAATATGCTACTTGGACTTGAAATTTATTTAAACAGCTGCTACTCTATTACA							1604
QY	731	ATGATATGGAATGACGATATACATCTCTCACAAAATTTGAACCTAATGTCGAAACATCATG							790
DB	1605	ATATATGGCTGCAAAATTCAGGATATTAATTCAGTACTTTCMAAT-----TCATCTAATT							1658
QY	791	ACTATTTAAACCTTTAAAGAAAAATATACCTAATATATGTAATCTATTTGTGCAATATCT							850
DB	1659	ACTATTCAGGGCTATTTAAACGTAAATATACAGAAATATACGACTATTTGATATACAAAGT							1718
QY	851	ATAGAGAAAGACTTAATTAACCTTGGAAACGAACTTAATATAGAGTGAATGATATTTATG							910
DB	1719	ACAATGCGAGACTACTATGATTTAGAACTAATATCAACGAAACATGGAATATGATATATA							1778
QY	911	ATTATCGAAGTATATGACTATTCGATTTAGTACTATATGCTCAATTTTCTTTATG							970
DB	1779	CTTACCGTTTGAATATGCTTAACTGATGTTAGATCTTATTTGCTATTTTTCGAAATATG							1838
QY	971	ATATTAAGAGATACAAAGATTCATATAGAGAAATATGTCGATTTAAATCGAACTTACAA							1030
DB	1839	ACCAGAAAAATA-----TCCAAATAGAGGTTAAATCTGAACCTTATCA							1880
QY	1031	GAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACTCTTTGAATTCACACCA							1090
DB	1881	GAGAAATTTATACAAATGTTAATTCAGATACATTTTAAACCATTAACGAATCTGAAA----							1936

```

QY 1091 ATCTGCTATATATGATATATATTTAACAAGCTTCAGGCTTAGATTATTTTCATTTTACG 1150
Db 1937 -----AATGATTTAATCTAGAAATCTTACATTTATTTCTTGATTA 1976
QY 1151 ATGAACTTATATTTTATACAAAAATGAAAGTACGGAACTGTTAGTTGGTATTCGGA 1210
Db 1977 ACCAAGGCGTTTTTACAGAAATCTCGAGACATTCCTTGATCTTATGATATTTT 2036
QY 1211 ATCGTAATAGATCTATATGCTACGACAGAACTGAAATTTATATGAGAAAGAACAG 1270
Db 2037 CTTTACAGGTAAACGATGCGCTTTTACATATCAATTAAGATGATGCAACATTAATCTGGG 2096
QY 1271 GTCCACCCACAAACAACTTTAATACATTTGAATCTTAATTAAGTTTCAATTTGAACTG 1330
Db 2097 GAGCGGCTTACGAAATATTTTCTCAAGACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAA 2156
QY 1331 ATAGACAAATACCTCTTCTCCCTTTCTTACATATTAATTTTCAATTAATCAAAATG 1390
Db 2157 ACAAACTATGATGATAGGTGCAAAATGTCAGACATAGAGAGTCAATATTAATATG 2216
QY 1391 AACTTATTTAATTAATTCACCTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1450
Db 2217 AAATGATATTTTTCGATAGCGGTAAATGATATTCGATATTCATCAATTCAAATGAG 2276
QY 1451 CTAATGATAAAAAAACAATCTGATTTCAATTCCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1510
Db 2277 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2336
QY 1511 TTAATCCAAATTTGTTTACCAAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1570
Db 2337 AATATGCTATCTATCTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTC----- 2385
QY 1571 TATTTAATTAATCTATAAAATTTGATAGCGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1630
Db 2386 -----AGTAGTAGAGAAAGAGAGAGATTTGATTTA 2417
QY 1631 GATGACACACAGTAGTGTATTAAGAAATTAATGCAATATCAATTAATTAATTAATTAAT 1690
Db 2418 GTTGGACATATCTATGATGTTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2477
QY 1691 TCCGACATCAAAAGGTAAAGTCTTGATTAACAACTTAAGTAAATTAATTAATTAATTAAT 1750
Db 2478 TCCAGCTCTAAATCTTAAAGTAAAGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2537
QY 1751 ATACAGAGAAACTTGGTTATTTTCAAAAGTCAAGGCGTTAGAGATTAATTAATTAATTAAT 1810
Db 2538 ACACAGAGAAACTTGGTTATTTTCAAAAGTCAAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2597
QY 1811 CTCCTAATTTCAACATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1870
Db 2598 AAAATGTTTCTCAACAA--TATCAAGTACGATTTGTTATGCTTAAATGCTCCAAAGA 2654
QY 1871 ATACTCTCTAATATCTCTTACATACAGAGTAAATGAGAAATCAACTCAAGCAG 1930
Db 2655 CAACAGT--ATCTTAAACGGAATGATATTAAGTCTGAGGCTCCCTAGTACCACTTC 2712
QY 1931 TCAACACACCTTTTCTGTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1990
Db 2713 CCGGCAAAAC-----CCAAATGCTACAGATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2762
QY 1991 TCCAAATTTCCAAATCACT--AACATTAATTTTAAATCAAAATCAATCAATTTTA--- 2043
Db 2763 TAACTTTTCAAGAACGTTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2822
QY 2044 -----TTTAATGCTGAGATGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2098
Db 2823 ACCTTATATGTTGATACCAAAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2882
QY 2099 TACCAATTAATCTCTCTGTGACGCAAAATTAAGAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2158
Db 2883 TTCCAAATCAATCAATCTGATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2942

```

```

QY 2159 CAAATAATTAATCAATTTTCAAAATCAATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2210
Db 2943 AAATGATGATGATTTATTTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2994

```

RESULT 12

AAD43974 ID AAD43974 standard; DNA; 4896 BP.

XX AAD43974;

DT 13-DEC-2002 (first entry)

DE Bacillus thuringiensis esp. finitimus cry28Aa1 gene.

KM Delta-endotoxin; cry26Aa1; cry28Aa1; insect-resistant plant; toxin; transgenic host cell; insecticide; gene; da.

OS Bacillus thuringiensis.

PH Key Location/Qualifiers
FT CDS 1129..4458
FT /tag= a
FT /product= "cry28Aa1 gene"

PN US2002038005-A1.

PD 28-MAR-2002.

PF 08-JAN-2001; 2001US-00756526.

PR 07-JAN-2000; 2000US-0175158P.

XX (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.

PA (LEWIT/) LEWITIN E I.

PA (ZALUN/) ZALUNIN I A.

PA (REVIT/) REVINA L P.

PA (CHES/) CHESTUKHINA G G.

PI Wojciechowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;

PI Chestukhina GG;

DR WPI: 2002-403935/43.

XX P-P8DB: AAE26353.

PT Novel isolated delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26Aa1 and

PT cry28Aa1 isolated from Bacillus thuringiensis finitimus, that encodes

PT toxin active against insects, useful for controlling insects.

XX Claim 1; Page 33-37; 42pp; English.

CC The invention relates to isolated delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26Aa1 and cry28Aa1 isolated from Bacillus thuringiensis finitimus, that encode a toxin that is active against insects. The invention is useful for producing an insect-resistant plant, by introducing the nucleic acid molecule into the plant, where the nucleic acid is expressible in the plant in an effective amount to control an insect. The invention is useful for producing a toxin that is active against insects by obtaining the transgenic host cell and expressing the nucleic acid molecule in the host cell, which results in the toxin that is active against insects. The toxin is useful for controlling an insect by delivering to the insect an effective amount of toxin. The invention is useful for controlling insects. The toxin is useful for inhibiting the ability of insect pest to survive, grow or reproduce, for limiting insect-related damage or loss in crop plants, and to prophylactically treat insect susceptible areas or plants to confer protection or resistance against harmful insects. The present sequence is Bacillus thuringiensis esp. finitimus cry28Aa1 gene

SQ Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1.5e-17;

Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

Qy 303 AGGTGCTATATATATCTTTGGTACCTTATCATGCTCTTTTGGCCCGGGAGACA 362
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTGGAACTTGCTCCGTTCTTTGGCTGATCCAGAGA 1352
Qy 363 AGA--CAAAACAGTATGACACAAATTTTAAATGGGAGAAATTTTGTGATACAC 419
Db 1353 AGATCCAAAAAAATTTGGTCAATTTATGAAAACAGGAGAAACCTTTTAAATCAAA 1412
Qy 420 GTTACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGAGATTAACAAATTT 479
Db 1413 AATTTCTACAGCTGTAAGAAATAGCAATTAAGCTCATTAATGGTTTAAAGATGAT 1472
Qy 480 ACAAGCTATATATACAGCATTAATGATTTGAGAAATTAAGAAAGACTACAGCTCTG 539
Db 1473 AAGCTACTATGAAGAGCATTTAATGATTTGAGAGAAATCCAAAGTGAATATCTGCAG 1532
Qy 540 ATTACCACTATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAAGCTTAAATAGATTGAGAA 599
Db 1533 ATTGTATACACAGA-----GATTTGAAAA 1556
Qy 600 TGTTCACAATGATTTTATTCAGAAATACCTGTTCCAGCTTGAAGTAAAGAGCT 659
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGAAGCAATATGCCAACCTCCAGCTTCCAGTATGACATTT 1616
Qy 660 ATTACTACTATTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTATTAACAACAGGTGC 719
Db 1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAAAGCTGCAAAATTTTACATTTATTAACATCAAGGTG 1676
Qy 720 TGAATGGCTGATGATGAAATGCAAGATATCATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGG 779
Db 1677 ACAATTCGCGATCAATGAAATGAGATCAACCACTTACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy 780 AACATCAGATGACTATTAATCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATCTATTG 839
Db 1728 GTCTACAGTACTTATATGACAGCTATTTGCTATATTTGAAAGTATTAATTTATTG 1787
Qy 840 TGCACATATCATTAAGAGAGACTTAATTAACCTTGAACCACTAATATAGATGAG 899
Db 1788 CACCAAGCATATACCAATAAGAGATTGAATCACCTTAAGAAATCAAGAAATCAATGGA 1847
Qy 900 TATATTTATGATTAATGCAAGATATATGACTATTAAGTATTAAGTACTGCTCAAT 959
Db 1848 TGCCTATACACATATCGTCAGAAATGACCTTAATGATGATCTTGTGCAACTTT 1907
Qy 960 TTTCTTTATGATATA 975
Db 1908 TCTTTTATGATATA 1923

```

RESULT 13
 ADF31301
 ID ADF31301 standard; DNA; 4896 BP.
 AC ADF31301;
 XX 12-FEB-2004 (first entry)
 DT
 XX
 DB Bacillus thuringiensis serovar finitimus pf2 DNA clone.
 XX
 KW Cry26Aa1; cry28Aa1; delta-endotoxin; insect pest control;
 XX transgenic plant; insect resistance; insecticide; gene; ds.
 OS Bacillus thuringiensis serovar finitimus.
 XX
 FH Key Location/Qualifiers
 FT CDS 1129..4458
 FT /tag= a
 FT /product= "Cry28Aa1 delta-endotoxin protein"
 XX
 XX US2003150018-A1.

PD 07-AUG-2003.
 PF
 XX 15-JAN-2003; 2003US-00345020.
 XX
 PR 07-JAN-2000; 2000US-0175158P.
 PR 08-JAN-2001; 2001US-00756526.
 XX
 XX (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.
 PA (LEWI/) LEWITIN E I.
 PA (ZALU/) ZALUNIN I A.
 PA (REVI/) REVINA L P.
 PA (CHES/) CHESTUKHINA G G.
 XX
 PI Wojciechowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;
 PI Chestukhina GG;
 XX
 XX WPI: 2003-897623/82.
 DR P-PSDB; ADF31302.
 XX
 XX New isolated nucleic acid molecule encoding a toxin that is active
 PT against insects useful for controlling insect pests or for conferring
 PT insect resistance in plants.
 XX
 XX Claim 7; SEQ ID NO 3; 42bp; English.
 XX
 XX The present invention relates to the isolation of novel cry26Aa1 and
 CC cry28Aa1 delta-endotoxin genes from *Bacillus thuringiensis* ssp.
 CC finitimus. The sequences for the delta-endotoxin polypeptides are also
 CC disclosed. The invention provides methods for producing the toxins and
 CC compositions containing the toxins. The methods and sequences of the
 CC invention are useful for controlling insect pests in transgenic plants to
 CC confer insect resistance. The present sequence represents a DNA clone
 CC that contains the coding sequence for cry28Aa1 delta-endotoxin.
 XX
 SQ Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;
 Query Match 7.2%; Score 161.2; DB 10; Length 4896;
 Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1.5e-17;
 Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

Qy 303 AGGTGCTATATATCTTTGGTACCTTATCATGCTCTTTTGGCCCGGGAGACA 362
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTGGAACTTGCTCCGTTCTTTGGCTGATCCAGAGA 1352
Qy 363 AGA--CAAAACAGTATGACACAAATTTTAAATGGGAGAAATTTTGTGATACACC 419
Db 1353 AGATCCAAAAAAATTTGGTCAATTTATGAAAACAGGAGAAACCTTTTAAATCAAA 1412
Qy 420 GTTACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTGAGAGATTAACAAATTT 479
Db 1413 AATTTCTACAGCTGTAAGAAATAGCAATTAAGCTCAATTAATGGTTTAAAGATGAT 1472
Qy 480 ACAAGCTATATATACAGCATTAATGATTTGAGAAATTAAGAAAGACTACAGCTCTG 539
Db 1473 AAGCTACTATGAAGAGCATTTAATGATTTGAGAGAAATCCAAAGTGAATATCTGCAG 1532
Qy 540 ATTACCACTATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAAGCTTAAATAGATTGAGAA 599
Db 1533 ATTGTATACACAGA-----GATTTGAAAA 1556
Qy 600 TGTTCACAATGATTTTATTCAGAAATACCTGTTCCAGCTTGAAGTAAAGAGCT 659
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGAAGCAATATGCCAACCTCCAGCTTCCAGTATGACATTT 1616
Qy 660 ATTACTACTATTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTATTAACAACAGGTGC 729
Db 1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAAAGCTGCAAAATTTTACATTTATTAACATCAAGGTG 1676
Qy 720 TGAATGGCTGATGATGAAATGCAAGATATCATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGG 779
Db 1677 ACAATTCGCGATCAATGAAATGAGATCAACCACTTACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy 780 AACATCAGATGACTATTAATCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATCTATTG 839

```

```

Db      1728 GTGATCAGGTAATATATGACGAGCTATGCTATATATGAAAAGTATATATATG 1787
Qy      840 TCGAAAATACCTATAGAGAGACCTAAATTAACCTCGAAGCAACCTAATATGAGATGAG 899
Db      1788 CACCAAGACATACCATTAAGATGGAATCACTTAAGAAATCAAAAAACACATGGGA 1847
Qy      900 TATATTTAATGATATGAGATATATGACTATATGATATGATATGATCTATCGCTCAAT 959
Db      1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTAATGTATGATCTTGTGCGAATCTT 1907
Qy      960 TTTCTTTTATGATATA 975
Db      1908 TCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 14
ADPF31306
ID  ADPF31306 standard; DNA; 4896 BP.
XX
AC  ADPF31306;
XX
DT  12-FEB-2004 (first entry)
XX
DE  Bacillus thuringiensis serovar finitimus pf2 DNA clone.
XX
KM  Cry26a1; cry28a1; delta-endotoxin; insect pest control;
XX  transgenic plant; insect resistance; insecticide; gene; ds.
OS  Bacillus thuringiensis serovar finitimus.
XX
FH  Key      Location/Qualifiers
FT  CDS      1129..4458
FT           /*cag= a
FT           /product= "Cry28a1 delta-endotoxin protein"
XX
PN  US2003154510-A1.
XX
PD  14-AUG-2003.
XX
PF  15-JAN-2003; 2003US-00342821.
XX
PR  07-JAN-2000; 2000US-0175158P.
PR  08-JAN-2001; 2001US-00756526.
XX
PA  (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.
PA  (LEWI/) LEWITIN E I.
PA  (ZALU/) ZALUNIN I A.
PA  (REVI/) REVINA L P.
PA  (CHES/) CHESTUKHINA G G.
XX
PI  Wojciechowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;
PI  Chestukhina GG;
XX
DR  WPI: 2003-897757/82.
DR  P-PSDB: ADPF31307.
XX
PT  New delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26a1 and cry28a1, useful
PT  for controlling insect pests and for conferring insect resistance.
XX
PS  Claim 7; SEQ ID NO 3; 42bp; English.
XX
CC  The present invention relates to the isolation of novel cry26a1 and
CC  cry28a1 delta-endotoxin genes from Bacillus thuringiensis ssp.
CC  finitimus. The sequences for the delta-endotoxin polypeptides are also
CC  disclosed. The invention provides methods for producing the toxins and
CC  compositions containing the toxins. The methods and sequences of the
CC  invention are useful for controlling insect pests in transgenic plants to
CC  confer insect resistance. The present sequence represents a DNA clone
CC  that contains the coding sequence for cry28a1 delta-endotoxin.
XX
SQ  Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;

```

```

Query Match      7.2%; Score 161.2; DB 10; Length 4896;
Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 1.5e-17;
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

Qy      303 AGGTGCTATATATATCTTTTGGTACCTTAATCATCTGCTCTTTGGCCCGGAGAAACA 362
Db      1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTTGGAACTTGCTCCGCTCTTTGGCCTGATCCAGAGA 1352
Qy      363 AGA---CAAAACGTATGACACAACTTATTAATTAATGAGAAATTTTGTGATACACC 419
Db      1353 AGATCCAAAAAAATTTTGTGCATATTTATGAAAACAGGAGAAACCTTTAAATCAAAAC 1412
Qy      420 GTTACAGAAAGCATATAAAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGAGATTTAGACAAATATT 479
Db      1413 AATTTCTACAGCTGTATAAAGAAATAGCATTTAGCTATCTAAATGTTTAAAGATGATT 1472
Qy      480 ACAAGCTATATACAGCATTTAGATGATGATGAGAAAATTAAGAACTACAAAGCTCTGG 539
Db      1473 AACGTACTATGAAAGACATTTATGATGATGGAAGAGAAATCCAAATGCAATATCTGCAG 1532
Qy      540 ATTACCAACATCATCAGCATTTACAAACAAGCTGCTTGACTTAAATAGCATTTGAGAA 599
Db      1533 ATTGATTCACAGA-----GATTTGAAAA 1556
Qy      600 TGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAACTTATTAAGCGCT 659
Db      1557 CGCTCATTTTCAATTTTGTAGCAATATGCAACAATCCAACTTCCACGATGACATTT 1616
Qy      660 ATTACTACCTAATTTATGCGCAAGCTGTAAATTTTCATTTAATTTATTAACAAGGTGC 719
Db      1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAAAGCTGCAAAATTTACATTTGATTTATTAACATCAAGGCT 1676
Qy      720 TGAATGGCTGATGAATGAATGCAATGCAATATGATCTTACAAATTTGAACCTAATGCTGG 779
Db      1677 ACAATTCGCGATCAATGAATGCAATGCAATCAACATTCACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy      780 AACATCAGATGATCTATATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATATATG 839
Db      1728 GTCATCAGTACTTATATATGACAGCTATTTGCTATATTTAAAGATATTAATATATG 1787
Qy      840 TCGAAATACCTATAGAGAGACCTAAATTAACCTTGAAGCAACCTAATATGAGATGAG 899
Db      1788 CACCAAGACATACCATTAAGATGGAATCACTTAAGAAATCAAAAAACACATGGGA 1847
Qy      900 TATATTTAATGATATGAGATATATGACTATATGATATGATCTATATGATCTATCGCTCAAT 959
Db      1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTAATGTATGATCTTGTGCGAATCTT 1907
Qy      960 TTTCTTTTATGATATA 975
Db      1908 TCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 15
ABL34155/C
ID  ABL34155 standard; DNA; 15548 BP.
XX
AC  ABL34155;
XX
DT  26-MAR-2002 (first entry)
XX
DE  Human immune system associated gene SEQ ID NO: 2128.
XX
KM  Human, immune system disease; cytosine methylation; antiasthmatic;
KM  antiarteriosclerotic; antianemic; cytosatic; noctropic;
KM  neuroprotective; anti-HIV; anticonvulsant; ophthalmological;
KM  antilemmatic; antiarthritic; antidiabetic; antiporotic;
KM  antilemmatocary; cancer; eye disease; arteriosclerosis; anemia;
KM  acute myeloid leukaemia; Alzheimer's disease; AIDS; epilepsy;
KM  neurofibromatosis; Rheumatoid arthritis; psoriasis; bowel disease; gene;
KM  ds.
XX
OS  Homo sapiens.

```


Miss Mary Smith

Query Match	4.5%;	Score 100;	DB 10;	Length 2157;
Best Local Similarity	43.6%;	Pred. No. 2.7e-08;		
Matches 645;	Conservative	0;	Mismatches 820;	Indels 13;
				Gaps 4;

Best Local Similarity 33.4%; Pred. No. 5.4e-08;
Matches 513; Conservative 0; Mismatches 1019; Indels 4; Gaps 2;

```

Qy 699 AATATTTTACACAGGTGCTGATTGGCTGATGGAATGCAATGCAATGATATACCTTC 758
Db 144 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 203
Qy 759 ACAATTTGAAGCTGATGACATGATGATATTAATTAATCTTTTAAAGAAATAT 818
Db 204 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 263
Qy 819 ACCTAAATATAGTACTGATGCAATTAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 878
Db 264 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 323
Qy 879 CGAAGCTATATGAGATGAGATATTAATGATTAATGAGATATGATGATGATGATG 938
Db 324 NAAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 383
Qy 939 ATTGATATCTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACAAAGATTGATGAG 998
Db 384 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 443
Qy 999 AAGATAGTGGGCAATTAAGCTGACCAAGAAATTTATCAACTGAAATTAATTT 1058
Db 444 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 503
Qy 1059 TGACCGTCTTACTTACTGTAATCAACCAATCTGCTATTAATGATTAATTTAAC 1118
Db 504 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 563
Qy 1119 ACGTTCAGGGCTGATTTATTTTATGATGAGATTAATTTATACAAAAATGA 1178
Db 564 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 623
Qy 1179 AACGTACGGGATCGTTAGTTGATGCGAATCGTAATGATCTACTTATGCTACGAC 1238
Db 624 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 683
Qy 1239 AGGAATCGAAATTAATATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1298
Db 684 ANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 743
Qy 1299 ATTTGATCTTATTAAGTTTCAATTTGATGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1358
Db 744 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 803
Qy 1359 TCCTAACATATCTTTCAATTTTCAATTTGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1418
Db 804 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 863
Qy 1419 TAAATTAACATATTCAGCTGGGGGAAATTTATCTA--ATGATTAACAACTGATTT 1475
Db 864 ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 923
Qy 1476 TCAATTTCTTAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1535
Db 924 TAAATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 983
Qy 1536 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1595
Db 984 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1043
Qy 1596 ATTAGCGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1655
Db 1044 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1103
Qy 1656 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1715
Db 1104 NTTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1163
Qy 1716 TGATACAACTCTAAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1775

```

```

Db 1164 TAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1223
Qy 1776 ACAAGTCAGAGGGGCTTTAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1835
Db 1224 TAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1283
Qy 1836 CATTAGACTTCGATACGCTCAATGAGTGGTGGAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1895
Db 1284 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1343
Qy 1896 AATTAACAGAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1955
Db 1344 ATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1403
Qy 1956 TTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2015
Db 1404 TTATTTNNNTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1463
Qy 2016 ACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2075
Db 1464 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1522
Qy 2076 AATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2135
Db 1523 TATTTNNNTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1582
Qy 2136 ACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2195
Db 1583 NANTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1642
Qy 2196 TACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2231
Db 1643 TTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1678

RESULT 3
LOCUS CL082000/c 1981 bp DNA linear GSS 31-DEC-2003
DEFINITION CH216-165P18, RM4.1 CH216 Xenopus tropicalis genomic clone
ACCESSION CL082000
VERSION CL082000.1 GI:40537913
KEYWORDS GSS.
SOURCE Xenopus tropicalis (western clawed frog)
ORGANISM Xenopus tropicalis
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipidea; Pipidae;
Xenopodinae; Xenopus; Silurana.
REFERENCE 1 (bases 1 to 1981)
Kremitzki, C., Carter, J., McPherson, J., Warren, W., Graves, T.,
Mardis, E. and Wilson, R.
A physical map of the xenopus tropicalis genome
Unpublished (2003)
Contact: Richard K Wilson
Genome Sequencing Center
Washington University School of Medicine
Email: submissions@wustl.edu
Insert Length: 175000 Std Error: 0.00
Seq primer: RM4 ctcaagggcgcgtagc
Class: BAC ends
High quality sequence start: 265
High quality sequence stop: 497.
Location/Qualifiers
1..1981
/organism="Xenopus tropicalis"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="Nigerian frog"
/db_xref="taxon:8364"
/clone="CH216-165P18"
/bex="male"
/cell_line="Stock 248 F7A2, fibred N7"
/clone_id="CH216"
/note="Vector: pTABAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis"

```

ORIGIN

BAC library"

Query Match 4.3%; Score 95.2; DB 10; Length 1981;
 Best Local Similarity 43.2%; Pred. No. 2.1e-07;
 Matches 620; Conservative 0; Mismatches 798; Indels 16; Gaps 3;

QY 808 AAGAAATATATACCTAATATATAGTAACTATGTGCAAAATACCTATAGAGAGACCTAAAT 867
 DB 1978 AAT 1919
 QY 868 AACTTCGAACGACCTAATATAGATGAGTATATATATATATATATATATATATATATAT 927
 DB 1918 AAAAAAT 1859
 QY 928 ACTATCTGTATATAGTACCTATGCTCAATTTCTTTT-----TGATATA 976
 DB 1858 TAAAT 1799
 QY 977 AGAGATACAAAGATTCATATAGAGAAATAGTGACCTTAAATCGAATTCACAGAGAA 1036
 DB 1798 AT 1739
 QY 1037 TTTATACACTGAATATATATTTGACCGCTTACTTCTTGAAATTCACCAATCTCG 1096
 DB 1738 TAAAAAT 1679
 QY 1097 CTATATGAGATATATATATTTTACACGCTCAGGCTTAGATTATTTTCAATTTTATGATGAC 1156
 DB 1678 AAAAAATCTTAAAAAT 1619
 QY 1157 TTTATTTTATACAAAAATGAAACGTACGGAAATCGTTAGTTGTATGCGAATCGTA 1216
 DB 1618 ATAAATATCAT 1559
 QY 1217 ATAGATCTACTTATGTCACAGAGAACTGAATTTATATATGAGAAAGACGCTCAC 1276
 DB 1558 AAAAAAT 1499
 QY 1277 CCAACAAATACTTATATCCATTTGATCCATTAAGTTCAATGTATGATGATGAC 1336
 DB 1498 AATCAAT 1439
 QY 1337 AAGTACTCTACTCTCCCTTTCTTCAATATATATATATATATATATATATATATATAT 1396
 DB 1438 AAT 1379
 QY 1397 ATTTAAT 1456
 DB 1378 AAT 1319
 QY 1457 ATAAAAAT 1516
 DB 1318 AT 1259
 QY 1517 CAATTTGTTTACCAAGCTAT 1576
 DB 1258 AAAAAAT 1199
 QY 1577 ATATATCTTAT 1636
 DB 1198 AAT 1139
 QY 1637 CACACGATAGTGT---ATATGAAATATATGCAATATGCAATATATATATATATATATAT 1693
 DB 1138 AAAAAAT 1079
 QY 1694 CAGCAATCAAGGTATACAGTCTTGATACAACTTAAGTATATGAAAGACCTGCTCAT 1753
 DB 1078 AAAAAAT 1019
 QY 1754 CAGAGGAAACTTGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGCTTATGAGATTCATGTAATCTC 1813

DB 1018 AAAAAAT 959
 QY 1814 CTATATCTACACATCTTAT 1873
 DB 958 AAAAAAT 899
 QY 1874 CTCTTCCTATATATATCTTTTACATATACAGATATATAGAAATCCACCTCAACGATCA 1933
 DB 898 AAT 841
 QY 1934 ACACACTTTTCTGATCAAAAT 1993
 DB 840 AAAAAAT 781
 QY 1994 AATTTCCAGTACAGTACATATCTTTTAAATCGAAACATACCATTTATATATATCGTG 2053
 DB 780 AT 721
 QY 2054 CAGATGTATCAATTCATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2113
 DB 720 AAT 661
 QY 2114 CTGTACGCCAAATATAGAAAAATATAGAAATCTATCCAAACAAATATATATATATAT 2173
 DB 660 AAAAAAT 601
 QY 2174 TTTTCAATATCATCAAAAAATATCTTTAATATATAGACCAACATATATGATA 2227
 DB 600 AAAAAAT 547

RESULT 4
 CG757503/c 1392 bp DNA linear GSS 24-OCT-2003
 LOCUS P052-4-C08.za Ppa EcORI BAC library Pristionchus pacificus genomic,
 DEFINITION genomic survey sequence.
 ACCESSION CG757503
 VERSION CG757503.1 GI:37986131
 KEYWORDS GSS.
 SOURCE Pristionchus pacificus
 ORGANISM Pristionchus pacificus
 Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;
 Neodiplogasteridae; Pristionchus.

REFERENCE
 1 (bases 1 to 1392)
 Brinivaan,J., Simz,W., Jesse,T., Wiggers-Perebolte,L., Jansen,K.,
 Brinvaan,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.
 An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus
 pacificus
 JOURNAL Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)
 PUBMED 12884007
 COMMENT Contact: Sommer RJ
 Evolutionary Biology
 Max-Planck-Institute for Developmental Biology
 Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany
 Tel: 00497071601371
 Fax: 00497071601498
 Email: ralf.sommer@tuebingen.mpg.de
 Class: BAC ends.

FEATURES

source location/Qualifiers
 1..1392
 /organism="Pristionchus pacificus"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="California"
 /db_xref="taxon:54126"
 /clone_lib="Ppa EcORI BAC library"
 /note="The library was generated by a partial digest of
 the genomic DNA with EcORI and cloning into the BAC
 vector."

ORIGIN

Query Match 4.0%; Score 90.2; DB 10; Length 1392;
 Best Local Similarity 44.0%; Pred. No. 1.8e-06;
 Matches 412; Conservative 0; Mismatches 523; Indels 1; Gaps 1;

```

QY 788 ATGACTTATTAACCTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTATCTATTGTGCAATA 847
DB 1339 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1280
QY 848 CCTATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 907
DB 1279 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1220
QY 908 ATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 967
DB 1219 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1161
QY 968 ATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1027
DB 1160 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1101
QY 1028 CAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1087
DB 1100 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1041
QY 1088 CCAATCTCGTATATAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1147
DB 1040 TTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 981
QY 1148 TAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1207
DB 980 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 921
QY 1208 CCAATCTCGTATATAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1267
DB 920 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 861
QY 1268 CAGGTCCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1327
DB 860 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 801
QY 1328 CTGATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1387
DB 800 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 741
QY 1388 TTGAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1447
DB 740 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 681
QY 1448 TATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1507
DB 680 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 621
QY 1508 TTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1567
DB 620 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 561
QY 1568 CTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1627
DB 560 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 501
QY 1628 TAGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1687
DB 500 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 441
QY 1688 TGATCCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1723
DB 440 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 405

```

```

RESULT 5
AG340947/c 1539 bp DNA linear GSS 18-DEC-2004
DEFINITION Mus musculus molossinus DNA, clone:MSM901-134C16.77, genomic survey
ACCESSION AG340947
VERSION AG340947.1 GI:47914257

```

```

KEYWORDS
SOURCE GSS.
ORGANISM Mus musculus molossinus
REFERENCE
AUTHORS Abe, K., Noguchi, H., Tagawa, K., Yuzuriha, M., Toyoda, A., Kojima, T.,
Ezawa, K., Saitou, N., Hattori, M., Sakaki, Y., Moriaki, K. and
Shiroishi, T.
TITLE Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to
genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end
sequence-SNP analysis
JOURNAL Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004)
PUBMED 15574823
REFERENCE
AUTHORS Hattori, M., Toyoda, A., Noguchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical
and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC);
1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan
(B-mail:hattori@sc.riken.jp, URL:htcp://hnp.gsc.riken.go.jp/,
Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)
COMMENT Clones are derived from the mouse BAC library MSM901. For BAC
library availability, please contact Kuniya Abe (abe@tc.riken.jp).
The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1
Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
e-mail: abe@tc.riken.jp
PRIMERS
Sequencing : T7
LIBRARY
Vector : pBAC3.6
R.Site 1 : EcoRI
R.Site 2 : EcoRI.
FEATURES
source
1..1539
Location/Qualifiers
/organism="Mus musculus molossinus"
/mol_type="genomic DNA"
/sub_species="molossinus"
/db_xref="taxon:57486"
/clone="MSM901-134C16.77"
/sex="male"
/tissue_type="mixture of kidney and spleen"
/clone_id="MSM901 Mouse Male BAC Library"
ORIGIN
Query Match 4.0%; Score 90; DB 10; Length 1539;
Best Local Similarity 42.2%; Pred. No. 2e-06; Indels 5; Gaps 4;
Matches 603; Conservative 0; Mismatches 822;
QY 786 AGATGACTTATTAACCTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTATCTATTGTGCAAA 845
DB 1528 ATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1469
QY 846 TACCTATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 905
DB 1468 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1409
QY 906 TAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 965
DB 1408 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1349
QY 966 TTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1024
DB 1348 TATAGNTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1289
QY 1025 TTCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1084
DB 1288 GTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1229
QY 1085 AACCAATCTCGTATATAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCAT 1144

```

D	1228	ATATATACTAGTAAATAATATTAAATTAATTAAGAATTTAATAATATTAATTAAT - AT	1171
Q	1145	TTTTAGATGAACCTATATTTTATATACAAAAATGAAACGTACGGGATCGTTTAGTGCTA	1204
D	1170	TTAATANATTAATTAAGAAGTATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1111
Q	1205	TYGGCAATCCGTAATAGACTCATTAATGCTACAGACGAACTGAATTAATATATGAGAAA	1264
D	1110	ATTAAATATTTAAAAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1051
Q	1265	GAAACAGTCACAACCACAATAAACTTTAATACATTTGAATCCTATTAAGCTTCAATTG	1324
D	1050	TAAATTTATATAAAAATATAAAAATATAAAAATATTTATATATATATATATATATAT	991
Q	1325	TAACTGATGACAGTAACTCCTCCTCCCTTTTCCACATATACCTTTACAT - TAT	1383
D	990	TATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	931
Q	1384	CAAAATGAACTTTATTTTAAATTAATTCACCTATATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1443
D	930	TTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	871
Q	1444	AATTTATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1503
D	870	TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	811
Q	1504	CCAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1563
D	810	AAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	752
Q	1564	TTTTCTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1623
D	751	ATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT	692
Q	1624	GCATTTAGATGGAACACAGTATGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1683
D	691	ATTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	632
Q	1684	ACAATGATCCAGCAATCAAAGTAAACAGCTTGATTAACAACTTAAGSTATTGAAGGA	1743
D	631	AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	572
Q	1744	CCTGGTCATACAGAGGAACCTTGTTTATTTTCAAAAGTCAAGGCCGTTTGAGATTACA	1803
D	571	AAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	512
Q	1804	TGTGAACCTCCTAATTTCTACACAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1863
D	511	AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	452
Q	1864	GCTGGAATTAATCTCTCTTAATTAATCTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1923
D	451	ATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	392
Q	1924	CAAGACCTCAACACACTTTTCTGCTACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1983
D	391	TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	332
Q	1984	GGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2043
D	331	TATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAAT	272
Q	2044	TTTAAATGCTGACAGATGTACAAATTTCAATTTTAATCATTAATTAATTAATTAATTAAC	2103
D	271	ATTAATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	212
Q	2104	ATTACTTCCTGTAAGCCAAATTAATGAATAAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2163
D	211	AAATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	152
Q	2164	ATTAATTAATTAATTTTCAAAATCATTAACAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2213

	RESULT 6	
Db	CG753083/c	1986 bp DNA linear GSS 24-OCT-2003
LOCUS	CG753083/c	
DEFINITION	p048-1-COI.za Ppa Ecobi BAC Library Pristionchus pacificus genomic,	
ACCESSION	CG753083	
VERSION	CG753083.1	
KEYWORDS	GSS.	
SOURCE	Pristionchus pacificus	
ORGANISM	Pristionchus pacificus	
REFERENCE	Eukaryote; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;	
AUTHORS	Neodiplogasteridae; Pristionchus. 1 (bases 1 to 1896)	
TITLE	Strinivasan,J., Sinz,W., Jesse,T., Wiggers-Perebolte,L., Jansen,K., Buntjer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J. An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus pacificus	
JOURNAL	Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)	
PUBMED	12884007	
COMMENT	Contact: Sommer RJ Evolutionary Biology Max-Planck-Institute for Developmental Biology Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany Tel.: 00497071601371 Fax: 00497071601498 Email: ralf.sommer@uebingen.mpg.de Class: BAC ends.	
FEATURES	Location/Qualifiers	
SOURCE	1..1896	
	/organism="Pristionchus pacificus"	
	/mol_type="genomic DNA"	
	/strain="California"	
	/db_xref="taxon:54126"	
	/clone_lib="Ppa Ecobi BAC library"	
	/note="The library was generated by a partial digest of the genomic DNA with EcoRI and cloning into the BAC vector."	
ORIGIN		
Query Match	4.0%; Score 90; DB 10; Length 1896;	
Best Local Similarity	42.0%; Pred. No. 2e-06;	
Matches 631; Conservative	0; Mismatches 858; Indels 12; Gaps 4;	
Cy	401 AAATTTTGTGGTAGCAGCGTTAACAAGAAGCATTAAGCAAGCTTAAGCTTAACAAGCTTAG	460
Dub	1761 AATATATAAATTAATANAATAATTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1702
Cy	461 AAGGATTAGAACAAATTTTACAAAGCTATATACAGCATTAGATGGAGAAAATTA	520
Db	1701 ATATAAATATAAAAATTTAAATTAATATATATANAATATTAATTAATTAATTAATTAAT	1642
Cy	521 AAAGACTACAAAGCTCCTGGAATTAACACATCATCAGATTACAAAGCTGCCTTGACTC	580
Db	1641 TANNAAAAAAAAAATATATTTTNAATTTTATATATATATATATATATTTTAAATATNAT	1582
Cy	581 TTAAAAATTCAGATTGAGAAATGTCACAAAGATTTTATTCAGAAATCCGTGTTCCAAC	640
Db	1581 TATAAAAAATTAATTAATTAATTTTATTTTATTTTATTTTATTAATTAATTAATTAAT	1522
Cy	641 TTGAAACTTATAAAGCCTTACTACTACCTATTTTATGCGCAAGCTGCTAAATTTTCATTAA	700
Db	1521 ATTTTATTTAAAAAATAATATATATANAATAATTAATTTTATTTTATTTTATTTATNTA	1462
Cy	701 ATTATTATCAACAAGGTGCTGAATGGCTGATGAATGGAATGCAATATACATCTTAC	760
Db	1461 AAAATATATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTT	1402
Cy	761 AAATTTGAACTTAATGCTGGAACATCAGATGACATTTTAAACCTTTAAAGAAAAAT-ATA	819
Db	1401 TATTAATAATTTTAAAAATATATTTTAAATTTNANNAATATTAATATATATATTAATTAATTA	1342

Oy	820	CTTAATAATGAGTACATATGTCGCAATACCTATAGAGGACCTAAATPAACTTGGAAC	879
Db	1341	ATTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1287
Oy	860	GAACCTAATATGAGATGAGTATATTTATGATATTCGAGATATATGACTTATCTGTA	939
Db	1281	AAAAAAAAATTT--ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1222
Oy	940	TTAGTACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATATPAGAGATACAAAGATTCATPAGA	999
Db	1224	ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1165
Oy	1000	AGAAAGGCGGATTAATAACGTACCTTCAAGAGAAATTTATACACGTGAATTAATTTT	1055
Db	1164	ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1108
Oy	1060	GACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCGCTATATAGGAATATATTAATTAACA	1111
Db	1104	AAATATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1047
Oy	1120	CGTTGAGGCTTAGATTAATTTTCATTTTATGATGACCTATATTTTATTAACAAAAATGA	1172
Db	1044	ATTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	985
Oy	1180	ACGTACGGGAATCGTTTACTGTGCTATGCGAATCGTAAATGATCTACTTATCTACGACA	1237
Db	984	AAATATTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	925
Oy	1240	GGAATCGAAATATATATATGAGAAAGACAGGTCCACCCACAAACAAAACCTTAATACCA	1299
Db	924	AAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	865
Oy	1300	TTTGATCCCTAATAAGTTTCAATCTGTAATCTGATAGACAATGATCTACTTCCCTTTT	1358
Db	864	AAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	805
Oy	1360	CCTAACATATACTTTCACATTAATCATCAATGCACTTATTTAATAATTCACCTAGTAAT	1411
Db	804	AAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	745
Oy	1420	AAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTATGATTAATAATAATAACATGATTTTCA	1477
Db	744	TTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	685
Oy	1480	TTTCCGTGAAAAAAGACCTGTAAACCAATTAATTAATCCAAATGTGTTTACCAAGCTATAT	1533
Db	684	TTTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	625
Oy	1540	AGTTATAGCATATTTTATCCGAGTTTCTTATTTAATTAATTCCTATTAATAATTTGATTA	1599
Db	624	TATNATTTATTAATAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	565
Oy	1600	GCGCTAATATTTTATTAACAGGTGCTATGAGTGGACACACATGATGTTAA--TAGAA	1657
Db	564	TAAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	505
Oy	1658	ATTAATGCAATATCAGATTAATAATTAATTAACAATATCCAGCAATCAAAAGTTAACGCTTG	1711
Db	504	TTTAATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	445
Oy	1718	ATACAACTCTAAGGTAATTTGAGACCTGTATATCAGAGGAACCTGTGTTATTTTAC	1773
Db	444	ATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAAT	391
Oy	1778	AAAGTCAGGCGGCTTAGAGATTTACATGTAAGACTCTPATTTCTACCAACTCTTATTAACA	1833
Db	390	AAATTAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	331
Oy	1838	TAGAATTCGATAGCGTACAAATGAGTGGGAATATCTCTCTATATATATCTGTACAA	1897
Db	330	TTATATATTAATTAATAATAATAATAATTTTNTNTAATATATNTNTATATNTAATNTTATTA	271

Qy	1898 T	1898
Db	270 T	270

RESULT 7	1542 bp	DNA	linear	SSS 21-DEC-2004
AC3865981/c				
LOCUS				
DEFINITION	Ag3865981	Mus musculus	mojossinus DNA, clone:MSMg01-201G10.TV, genomic survey	
ACCESSION				
VERSION	AG3865981			
KEYWORDS	AG3865981.1	GI:47998186		
SOURCE	SSS			
ORGANISM	Mus musculus	mojossinus	(Japanese wild mouse)	

REFERENCE
1
Abe, K., Noguchi, H., Tagawa, K., Yuzuriba, M., Toyoda, A., Kojima, T.,

TITLE

JOURNAL PUBMED REFERENCE AUTHORS TITLE JOURNAL	Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004) 15574823 2 (bases 1 to 1542) Hattori,M., Toyoda,A., Noguchi,H., Kojima,T. and Sakaki,Y. Direct Submission Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical
---	--

COMMENT

library availability, please contact Kuniya Abe (abe@rtc.riken.jp).
Tsukuba Institute, Bio Resource Center,
The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1
Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
e-mail: abe@rtc.riken.jp

Vector : pBACE3.6
R.Site 1 : EcoRI
R.Site 2 : EcoRI.

```
FEATURES
source
1..1542
Location/Qualifiers
/organism="Mus musculus molossinus"
/mol_type="genomic DNA"
/sub_species="molossinus"
/db_xref="taxon:57486"
/clone="MSMG01-201G10.TJ"
/sex="male"
/tissue_type="mixture of kidney and spleen"
/clone_lib="MSMG01 Mouse BAC library"
```

ORIGIN

Query Match	4.0%	Score 89.4;	DB 10;	Length 1542;
Best Local Similarity	42.7%	Pred. No. 2.5e-06;		
Matches 550; Conservative	0;	Mismatches 730;	Indels 7;	Gaps 3;

922 TATATGACTATTACTGTATTAGATACTACTGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGA 981

983 TACAAAGATTCAATAGGAAGAAATAGGTGCACTTAAATCTGAACCTTACAAAGAGAAATTTAT 1041

Db 1407 ATAAATAATTATATATATATANATAAAAAATTTAAATPAATPAAAAANNATAGTAAATAATT 1348

QY 1042 ACACTGAATAAATTTTGACCGTCTTACTTACCTTGAATTCACCCCAATCTGGTATA 1101


```

Qy 965 TTATGATATTAAGATACAAAGATTCATAGAGATAGTGCGCATTAATAACCTGAC 1024
Db 373 TTTAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 432
Qy 1025 TTACAGAGAAATTTATCAACTGAATTAATTTGACCGCTTACTTACCTGAAATTC 1084
Db 433 AAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 492
Qy 1085 AACCCATCTCGCTATATGAAATTAATTTAACACGTTGCGGCTTATATTTTCAT 1144
Db 493 AAAAAAAGCAAAAAAACAACCTTTTCTTTTGGAGGAGAAAAA 552
Qy 1145 TTTTATGATGAATTTATTTTATACAAAAATGAACGTAACGGATCGTTAGTTGGTA 1204
Db 553 AAAAAAACCCTATTTATTTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 612
Qy 1205 TTGCAATCGTAATGATCTATATGCTACAGACGAACTGAAATTAATATGAGAAA 1264
Db 613 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 672
Qy 1265 GAACGATCCACCCCAACAAAACTTTAATACATTTGAAATCCATTAAGTTCAATTC 1324
Db 673 AAAAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 732
Qy 1325 TAACTGATAGACAACTACTCTTCCCTTCTTCAACATATATCTTCAATTAATTC 1384
Db 733 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 788
Qy 1385 AAATTTGAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1444
Db 789 AATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 848
Qy 1445 ATTTATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1503
Db 849 AATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 908
Qy 1504 CCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1563
Db 909 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 968
Qy 1564 TTTTCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1623
Db 969 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1028
Qy 1624 GCATTAGATGACACAGATGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1683
Db 1029 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1088
Qy 1684 ACAATGATCCGCAATCAAGGTAAGTCTGATACAACTTAAGGTAATGAAGA 1743
Db 1089 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1148
Qy 1744 CCTGCTCATACAGAGAACTTGGTTATTTTACAAAGTCAAGGCGTTTACAGATTCA 1803
Db 1149 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1208
Qy 1804 TGTAAGACTCTTAATTTACACATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1863
Db 1209 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1268
Qy 1864 GCTGGAATTAATCTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1923
Db 1269 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1328
Qy 1924 CAACGACTCAACACATTTTCTGCTACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1983
Db 1329 TAGAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1378
Qy 1984 GGGTATTTCCATTTCCAGTACAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2042
Db 1379 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1438
Qy 2043 ATTATCGTGCAGATGATCAATTTCAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2102

```

```

Db 1439 AAGAAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 1498
Qy 2103 AATTACTCTCTGTGACCCCAATAGGAAAAACAAATAATTAAGAACTATCCAAACAA 2162
Db 1499 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1558
Qy 2163 AATAATATCATTTTCACAATTCATCAAAAAATCTTAATAATTAAGA 2211
Db 1559 TATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA 1607

RESULT 9
AG350139/c
LOCUS
DEFINITION
Mus musculus molossinus DNA, clone:MSWg01-146K14.TU, genomic survey
SEQUENCE
ACCESSION
AG350139
VERSION
AG350139.1 GI:47923449
KEYWORDS
SOURCE
Mus musculus molossinus (Japanese wild mouse)
ORGANISM
Mus musculus molossinus
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE
1
Abe,K., Noguchi,H., Tagawa,K., Yuzuriha,M., Toyoda,A., Kojima,T.,
Ezawa,K., Saitou,N., Hattori,M., Sakaki,Y., Moriwaki,K. and
Shirotoshi,T.
Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to
genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end
sequence-SNP analysis
Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004)
JOURNAL
PUBMED
15574823
AUTHORS
Hattori,M., Toyoda,A., Noguchi,H., Kojima,T. and Sakaki,Y.
TITLE
Direct Submission
COMMENT
Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical
and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC), Japan
1-7-22 Suehiro-chou,Tsukuba, Ibaraki, Japan, 305-0857, Japan
(E-mail:hattori@gsc.riken.jp, URL:http://hgp.gsc.riken.go.jp/,
Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)
Clones are derived from the mouse BAC library MSWg01. For BAC
library availability, please contact Kuniya Abe (abe@etc.riken.jp).
Tsukuba Institute, Bio Resource Center,
The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1
Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
e-mail: abe@etc.riken.jp
PRIMERS
Sequencing : TU
LIBRARY
Vector : pBAC3.6
R.Site 1 : EcoRI
R.Site 2 : EcoRI.
FEATURES
source
1..1489
location/Qualifiers
1..1489
/organism="Mus musculus molossinus"
/mol_type="genomic DNA"
/sub_species="molossinus"
/db_xref="taxon:57486"
/clone="MSWg01-146K14.TU"
/sex="male"
/tissue_type="mixture of kidney and spleen"
/clone_id="MSWg01 Mouse Male BAC library"

ORIGIN
Query Match 4.0%; Score 88.4; DB 10; Length 1489;
Best local similarity 43.4%; Pred.No.3.9e-06;
Matches 605; Conservative 0; Mismatches 765; Indels 20; Gaps 4;
806 TAAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 865

```



```

Qy 1520 ATGTGTTACCAAGCTATATAGTATAGTCATATTTTATCCGAGTTTCTTATTTAAAT 1579
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 129 TTTTMTTMTTAAATATATTTTMTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 188
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1580 ATTCTATTAATTTGATTTAGCGCTAAATATTTATTTATATACGGTGCATTAGATGACAC 1639
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 189 TTTTAAATTAATTTAAATTAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 248
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1640 ACAGATGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1699
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 249 AATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 308
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1700 TCAAGGTATACAGTCTTGATCAAACTTAAGTATTTGAAGAGCTGCTATACAGAG 1759
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 309 TAAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 368
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1760 GAAATCTGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTGAATTTACATGATGAACTCTTAAT 1819
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 369 AATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 428
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1820 CTACATCTTATTTATACATTTAGCTGATACGCTACAAATGCTGGAATCTCTTC 1879
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 429 CTATATATTTTAAATTTATCTTACATCTTTTATTTTATTTATTTATTTATTTATTT 488
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1880 CTAAATATCTCTTACATTTACAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1939
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 489 AATTTTAAATTAATTTTAAATTAATTTAAATTAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 548
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1940 CTCTTTCTGTTCAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTT 1999
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 549 CCMCAATTTTACATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 608
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 2000 CAAGTACGTAATCTTACCTTTAAATCGAA-----CATACCTTATTTATTTAT 2049
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 609 CTCTTTCTTATTTAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 668
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 2050 CGTGCAGATGATCAATTTCAATTTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTTATTTAT 2099
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 669 MBTCMCAATTTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTTAAATTT 718
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||

```

RESULT 11
 CG749499/c 1348 bp DNA linear GSS 24-OCT-2003
 LOCUS P043-4-A06.za Ppa Ecori BAC library Pristionchus pacificus genomic.
 DEFINITION genomic survey sequence.
 ACCESSION CG749499
 VERSION CG749499.1 GI:37970425
 KEYWORDS GSS.
 SOURCE Pristionchus pacificus
 ORGANISM Pristionchus pacificus
 Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;
 Nematoda; Pristionchidae; Pristionchus.
 1 (bases 1 to 1348)
 Striavasan,J., Sinz,W., Jesse,T., Wiggers-Perebole,L., Jansen,K.,
 Buntjer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.
 An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus
 pacificus
 Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)
 JOURNAL 12884007
 PUBMED Contact: Sommer RJ
 COMMENT Max-Planck-Institute for Developmental Biology
 Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany
 Tel: 00497071601371
 Fax: 00497071601498
 Email: ralf.sommer@uebingen.mpg.de
 Classes: BAC ends.
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1348
 /organism="Pristionchus pacificus"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="California"

/db_xref="taxon:54126"
 /clone_lib="Ppa Ecori BAC Library"
 /note="The library was generated by a partial digest of
 the genomic DNA with Ecori and cloning into the BAC
 vector."

Query Match 3.9%; Score 86.8; DB 10; Length 1348;
 Best Local Similarity 43.4%; Pred. No. 7.7e-06;
 Matches 490; Conservative 0; Mismatches 633; Indels 7; Gaps 2;

```

Qy 1107 ATATATTTTAAACAGTTCAAGGCTTGAATTTTCAATTTTATGATGATTAATTTTAA 1166
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 1331 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1272
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1167 TACAAAATTAAGAAAGTACAGGAAATCGTTAGTGTGATTTGCGAATCGTAATGATCTAC 1226
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 1271 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1212
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1227 TTAATGCTACGACAGAACTGAATTTATATATGAGAAAGAACAGTCCACCAACAA 1286
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 1211 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTAATTA 1152
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1287 AACTTATATACATTT--GAATCTTAATTAATTTCAATTTGATGATGACAGTAAC 1343
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 1151 TTTTAAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1092
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1344 TCGTATCTCCCTTTTCTTAATTAATTAATTTATTAATTAATTAATTTATTAATTTAA 1403
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 1091 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTTATTA 1032
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1404 TAAATCACTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTA 1463
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 1031 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTA 972
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1464 AACATGATTTTCAATTTTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTCA 1523
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 971 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTTAA 912
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1524 TTTACCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1583
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 911 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTTAA 852
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1584 CTATTAATTTGATTTAGCGCTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAGATGATGACACAG 1643
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 851 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTTAA 792
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1644 TAGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTAT 1703
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 791 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTAAATTTAA 732
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1704 AGTGAACGCTTGATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1763
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 731 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTAA 672
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1764 CTGCTTATTTTAAAGTCAAGGCGTTTGAATTTATTAATTTATTTATTTATTTATTTAT 1823
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 671 AATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 616
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1824 ACAATCTTATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1883
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 615 TTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 556
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1884 TATATCTTTTACATTAACAGAGATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1943
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 555 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 496
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 1944 TTTCTGTTACAAATTAATTAATTTATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 2003
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Db 495 AATTAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAA 436
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||
Qy 2004 TACAGTAACTTACCTTTAAATCGAAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 2063
    |||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||:::|||||

```

```

Db      435  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 376
Qy      2064  AATTCATTTTATTCATGTAATAATGTAATTTATACCATCTCTCTGACGCCA 2123
Db      375  AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 316
Qy      2124  AATAGGAAAAACAAAATTGAACTATCCAAACAAAATAATTCATTTTTCACAAA 2183
Db      315  AATTAATAAAAAAAAAATTAATTAATAATAAAAAAAAAAAAAAAAAATAATTAATAAAA 256
Qy      2184  TCATACAAAAAACTTTAAATATAGAACCAACAACTATGATTTGATT 2223
Db      255  TTATATAAAAAATATTAATAAAAAAAAAATTTAATTAATTAATAATT 206

RESULT 12
CNS00EVL      1101 bp      DNA      linear      GSS 04-JUN-1999
LOCUS DEFINITION      Drosophila melanogaster genome survey sequence T7 end of BAC:
                        BACR29B23 of RPCI-98 library from Drosophila melanogaster (fruit
                        fly), genomic survey sequence.
ACCESSION      AL069706      GI:4949849
VERSION KEYWORDS      GSS.
SOURCE ORGANISM      Drosophila melanogaster (fruit fly)
                        Drosophila melanogaster
                        Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
                        Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
                        Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
                        1 (bases 1 to 1101)
REFERENCE      Genoscope.
                        Direct Submission
                        Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage :
                        BP 191 91006 Evry cedex - FRANCE (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr
                        - Web : www.genoscope.cns.fr)
COMMENT      Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a
                        collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP).
                        The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila
                        melanogaster genome using these BACs. For further information
                        please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila
                        melanogaster BAC library was prepared by Kazuhiro Ohsawa and
                        Aaron Mammeter in Pieter de Jong's laboratory in the Department of
                        Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo,
                        NY. The library is named RPCI-98 and was constructed by partial
                        EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the
                        isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's
                        pl and EST libraries. A more detailed description of the library
                        and how to order individual BAC clones, the entire library, or
                        filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be
                        found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm.
                        Location/Qualifiers
                        1..1101
                        /organism="Drosophila melanogaster"
                        /mol_type="genomic DNA"
                        /db_xref="taxon:7227"
                        /clone="BACR29B23"
                        /clone_lib="RPCI-98"
                        /note="end : T7"

ORIGIN
Query Match      3.8%; Score 86; DB 10; Length 1101;
Best Local Similarity      34.5%; Pred. No. 1.le-05;
Matches      220; Conservative 106; Mismatches 311; Indels 1; Gaps 1;

Qy      1025  TTACAAGGAATTTATCACTGAAATRAATTTTGACCGCTTACTTACCTTGAAATTC 1084
Db      463  TTTTAAAAAAATTTAAATAAAATTTATTAATTAATAAAATTTTAAATTTTAAATTT 522
Qy      1085  AACCAATCTCGCTATATGAAATTAATTAATTAACACGTTGAGGCTTAGATTTATTCAT 1144
Db      523  WTTTAAWTTTAAATTAATAAAATTAATTTTAAATTAATAATTAATAATTAATAATTA 582
Qy      1145  TTTTATGATGAACCTTATATTTTATACAAAAATGAAACGTACGGGAATGTTAGTTGTA 1204

```

```

Db      583  TATTAATTAATAAATTTAAATTAATAATAAATAATTTTAAATAAATTTTAAATAAT 642
Qy      1205  TTGCGAATGTAATGATGACTATGACGACGACGAACTGAAATATATATGAGAAA 1264
Db      643  TAATTAATTAATAAATTAATAAATTTAAATTAATAAATTTTAAATAAATAAATAA 702
Qy      1265  GAACAGTCACCCACCAACAAAACCTTAATACATTTGATGCTTAA-AGTTCAATT 1323
Db      703  AAATAATTAATAAATAATAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 762
Qy      1324  GTACTGATGACAGTAATCTCTACTCCCTTTTCTTACATATATCTTACATTAAT 1383
Db      763  TATATTTTAAWAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 822
Qy      1384  CAAATGACCTTATTAATAATTAATGACCTAGTAATTAATTAATTCAGCTGGGGG 1443
Db      823  WAAWAAATTAATAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 882
Qy      1444  AATTTATCTAATGATAAATAAACAACCTGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGAAA 1503
Db      883  AATTTATTTTAAWAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 942
Qy      1504  CCAATTTTATCAATGTTTACCAAGCTATTAATGATATGCTATTTATCTCCAG 1563
Db      943  AATTTATTAATAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 1002
Qy      1564  TTTTCTTATTAATTAATTTCTTAAATAATGATTTGACCGCTAAATTAATTAATTA 1623
Db      1003  ATATATTTATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 1062
Qy      1624  GCATTAAGATGACACACAGTACTGTTAATAGAAATTA 1661
Db      1063  AATTAATATATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 1100

RESULT 13
CG754863      1391 bp      DNA      linear      GSS 24-OCT-2003
LOCUS DEFINITION      P050-2-G05 za Ppa EcoRI BAC library Pristionchus pacificus genomic,
                        genomic survey sequence.
ACCESSION      CG754863      GI:37980782
VERSION KEYWORDS      GSS.
SOURCE ORGANISM      Pristionchus pacificus
                        Pristionchus pacificus
                        Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;
                        Neodiplogasteridae; Pristionchus.
                        1 (bases 1 to 1391)
REFERENCE      Srinivasan,J., Sinsz,W., Jesse,T., Wiggers-Perebolte,J., Jansen,K.,
                        Buntjer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.
                        An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus
                        pacificus
                        Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)
                        12884007
COMMENT      Contact: Sommer RJ
                        Evolutionary Biology
                        Max-Planck-Institute for Developmental Biology
                        Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany
                        Tel: 00497071601371
                        Fax: 00497071601498
                        Email: ralf.sommer@tuebingen.mpg.de
                        Class: BAC ends.
FEATURES
source      Location/Qualifiers
                        1..1391
                        /organism="Pristionchus pacificus"
                        /mol_type="genomic DNA"
                        /strain="California"
                        /db_xref="taxon:54126"
                        /clone_lib="Ppa EcoRI BAC library"
                        /note="The library was generated by a partial digest of
                        the genomic DNA with EcoRI and cloning into the BAC
                        vector."

```

ORIGIN

Query Match 3.8%; Score 85; DB 10; Length 1391;
 Best Local Similarity 45.1%; Pred. No. 1.7e-05;
 Matches 435; Conservative 0; Mismatches 513; Indels 16; Gaps 4;

QY 1279 ACAACAAAACCTTAAATACATTTGATCCCTAAAGTTCAATGTAAGTACAGACAA 1338
 DB 1330 ATATATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1271
 QY 1339 GTAACTCCCTCTCCCTCTTCCCTAACATATCTTACATTAATCAATGAATCTTAT 1398
 DB 1270 TAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1211
 QY 1399 TTAATTAAT--TCACCTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATG 1456
 DB 1210 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1151
 QY 1457 ATAAATAAAACAGATTTTCAATTTCCGTAAAAAAGACTGTAAACCAATTTAATC 1516
 DB 1150 TNAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1091
 QY 1517 CAATTTGTTTCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1576
 DB 1090 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1051
 QY 1577 ATTAATCCCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1636
 DB 1030 AATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 971
 QY 1637 CACAGAGAGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1696
 DB 970 TTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 911
 QY 1697 CAATCAAGAGTATAGCTTGTATCAAACTCAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1756
 DB 910 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 852
 QY 1757 GAGAACTTGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1816
 DB 851 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 792
 QY 1817 ATTCACACATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1876
 DB 791 AAAAAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 732
 QY 1877 TTCCCTAATTAATCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1933
 DB 731 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 672
 QY 1934 -----ACAACCTTTTCTGTGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1986
 DB 671 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 612
 QY 1987 TATTTCAATTTCCAGTATAGTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2046
 DB 611 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 552
 QY 2047 AATGTCAGAT---GTATCAAAATCAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATCA 2103
 DB 551 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 492
 QY 2104 ATTAATCTCTGTGACGCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2163
 DB 491 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 432
 QY 2164 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2223
 DB 431 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 372
 QY 2224 GATA 2227
 DB 371 AAAA 368

RESULT 14

CL068807/c

LOCUS

DEFINITION

ACCESSION

VERSION

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

REFERENCE

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

COMMENT

FEATURES

source

1. 1242
 Location/Qualifiers

/organism="Xenopus tropicalis"

/mol_type="genomic DNA"

/strain="Nigerian frog"

/db_xref="taxon:8364"

/clone="CH216-115B3"

/sex="male"

/cell_line="Stock 248 F7A2, inbred N7"

/clone_id="CH216"

/note="Vector: pYARBAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis BAC library"

ORIGIN

Query Match 3.8%; Score 84.6; DB 10; Length 1242;
 Best Local Similarity 45.2%; Pred. No. 2e-05;
 Matches 421; Conservative 0; Mismatches 506; Indels 4; Gaps 3;

QY 688 AATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 747
 DB 947 AATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 888
 QY 748 ATACATCTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 807
 DB 887 ATATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 828
 QY 808 AAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 867
 DB 827 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 768
 QY 868 AACTTGAAACGAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 927
 DB 767 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 708
 QY 928 ACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 987
 DB 707 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 648
 QY 988 GATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1047
 DB 647 TATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 588
 QY 1048 GAAATTAATTTGACCGCTTACTTACCTGAATTCACCAATCTCGTATTAATGAA 1107

21. 10. 1949

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 11:32:30 ; Search time 1190.5 seconds
(without alignments)
11352.922 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-1

Perfect score: 2235
Sequence: 1 gtgaatcaataataataa.....caactatgatgatgataa 2235

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 5883141 seqs, 28421725653 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 11766282

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl:*
1: gb_ba:*
2: gb_in:*
3: gb_env:*
4: gb_om:*
5: gb_ov:*
6: gb_pat:*
7: gb_ph:*
8: gb_pt:*
9: gb_ro:*
10: gb_sts:*
11: gb_sy:*
12: gb_un:*
13: gb_vl:*
14: gb_hng:*
15: gb_pl:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2235	100.0	2235	6	CQ868307 Sequence
2	2085	93.3	2085	6	CQ868309 Sequence
3	1903.8	85.2	2208	6	CQ868305 Sequence
4	384.6	17.2	3543	1	BRTOXD1
5	384.6	17.2	4253	1	BACTSRH4
6	384.6	17.2	4451	6	108083
7	384.6	17.2	4451	6	109103
8	384.6	17.2	4934	6	E01676
9	384.6	17.2	127923	1	BTPBTOXIS
10	222.6	10.0	127923	1	BTPBTOXIS
11	221.8	9.9	6009	1	BTH251977
12	221	9.9	3753	1	BACMSOB
13	209.6	9.4	3756	6	E00614
14	202.8	9.1	434	1	D0078744
15	190.8	8.5	4959	1	AF285775
16	181.4	8.1	3752	1	AB125059
17	175.4	7.8	1993	6	I03578
18	170	7.6	3642	1	AB193814

19	161.2	7.2	4896	1	AF132928
20	149.6	6.7	3644	1	BTH251978
21	117	5.2	15548	6	AX347057
22	105.8	4.7	135877	14	AC120883
23	100.6	4.5	3535	6	I06096
24	100.6	4.5	3684	1	BRTTOX
25	100.6	4.5	3684	1	BRTTOX2
26	100.6	4.5	3684	1	I08884
27	99.4	4.4	1738	6	I03580
28	99.4	4.4	17870	8	AC104073
29	99.2	4.4	349980	6	AX344555
30	99.2	4.4	4186	1	BACISRH3
31	99	4.4	4186	6	E01905
32	98.2	4.4	72243	8	AL731858
33	97.8	4.4	3536	6	E01029
34	97.8	4.4	4056	1	BACRYD2
35	96.8	4.3	254050	2	PPA929358
36	96	4.3	104992	14	AC005504
37	96	4.3	169546	14	AC004157
38	96	4.3	176898	8	AC117569
39	96	4.3	250421	2	AE014849
40	95	4.3	3668	1	D88381
41	94.4	4.2	110000	14	PFMAL8P1_05
42	93.6	4.2	8056	6	AX599046
43	93.6	4.2	348174	2	CR382399
44	92.6	4.1	3507	1	BTU04365
45	92.6	4.1	3507	6	I25972

ALIGNMENTS

RESULT 1	CQ868307	2235 bp	DNA	linear	PAT 13-SEP-2004
LOCUS	Sequence 8 from Patent WO2004074462.				
DEFINITION	CQ868307				
ACCESSION	CQ868307.1	GI:51998353			
VERSION					
KEYWORDS					
SOURCE					
ORGANISM	Bacillus thuringiensis				
	Bacillus thuringiensis				
	Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus				
	cereus group.				
REFERENCE	1				
AUTHORS	Carozzi, N., Hargiss, T., Kozziel, M.G., Duck, N.B. and Carr, B.				
TITLE	Delta-endotoxin genes and methods for their use				
JOURNAL	Patent: WO 2004074462-A 8 02-SEP-2004;				
	Athenix Corporation (US)				
FEATURES					
source					
	1..2235				
	location/Qualifiers				
	1..2235				
	/organism="Bacillus thuringiensis"				
	/mol_type="unassigned DNA"				
	/db_xref="taxon:1428"				
	1..2235				
	/note="unamed protein product"				
	/codon_start=1				
	/transl_table=1				
	/protein_id="CAH3949.1"				
	/db_xref="GI:51998354"				
	/translation="MNQNNNEVEIIDSKNLSYPSNRNIDSRYPYTNPNQLONTN				
	YKEMLMCCGCTGYDGNPFASADITAAVAGTIVSGTLAIGGLGISGPIIG				
	ALISFGTLIVFMPAGBODKTWTQPTIKAGEIVDPVLTISIKLQKQTEBGRQIL				
	QSYNTALDDWKKRLQAPGIPSSALQQAALTKIRBNVHNPFRIRIPGQLETKY				
	TLPLIYAQAANFHLNLQQAELADEWADIHPSQLEPNAGTDDVYKLLKENPKY				
	SNYCAKTYREGINTLRNEPNMRMSIFNDYRMYMTIVLDIAQSFDYIKYKOSIGR				
	IGGKTELREIYTYEINFDRLTYLEIQPNALIMEYMLTRGSLVSLDEDLFYTKN				
	ETYGNRLLVGINRNRSTYATGTETIYGERGPTTKLLIPESKVSIVTDROVTP				
	SPPNVIYPTINOELIYLNNSPNSLTIVSAGENLSNDKRTDPQPVKDCQPIINPC				
	LPSNYSHTLSQPSLPNYSKYKILANILYTGALGKTHSVNRNNAISDKITMIPA				
	IKGNSLDNRSKVIIGPHTGNLVYLOSQGRLEITCRPNSTQSYTLRLRYANGAGN				
	TLPNISLTPGVIGIPORLANNTSGYNNNLQYGDGQYFQPPSTVTLPLRNLPFIR				
	NRADVNSIILIDKIEFIPITSVQRNREKQKLEITQIKINTFTFNTKNTLNTATN				
	YDID"				

ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 2235; DB 6; Length 2235;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3,7e-291;
Matches 2235; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 GTGAATCAAAATTAATTAATGAATATGAGATTAATGCAATTCGAAAGAAATTTATCTTATCCT 60
DB 1 GTGAATCAAAATTAATTAATGAATATGAGATTAATGCAATTCGAAAGAAATTTATCTTATCCT 60
QY 61 TCTPACGAAATATTTGATTCATCTTGAATACCTTTACCAAAATATCCAAATCAACCTTTA 120
DB 61 TCTPACGAAATATTTGATTCATCTTGAATACCTTTACCAAAATATCCAAATCAACCTTTA 120
QY 121 CAAAGCAAAATTTCAAGAGTGGCTCAATATGTCAAGGGAATACAAATATGTGAT 180
DB 121 CAAAGCAAAATTTCAAGAGTGGCTCAATATGTCAAGGGAATACAAATATGTGAT 180
QY 181 AATTTGAGACATTTGCTAGTGTGATACAAATGCTGCAATTAAGTCAAGTACTATTTGTA 240
DB 181 AATTTGAGACATTTGCTAGTGTGATACAAATGCTGCAATTAAGTCAAGTACTATTTGTA 240
QY 241 TCGGTACTCTGTAGCCGATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATGGAATA 300
DB 241 TCGGTACTCTGTAGCCGATAGTGGGCTCACTTATATCCGACCGATGGAATA 300
QY 301 ATAGGTCTATATATATCTTTTGTGTAACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGAGAA 360
DB 301 ATAGGTCTATATATATCTTTTGTGTAACCTTAATCACTGTCTTTTGGCCCGCGAGAA 360
QY 361 CAAAGCAAAACGATATGACCAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420
DB 361 CAAAGCAAAACGATATGACCAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCG 420
QY 421 TTACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGCAAAATTTA 480
DB 421 TTACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGCAAAATTTA 480
QY 481 CAAAGCTATATATACAGCTATGATGATTTGAGAAAAATTAAGAACTACAAGCTCCTGGA 540
DB 481 CAAAGCTATATATACAGCTATGATGATTTGAGAAAAATTAAGAACTACAAGCTCCTGGA 540
QY 541 TTACACCATATCATAGCATTTACAAAGCTGCTTGAATCTTTAAATACGATTTGAGAT 600
DB 541 TTACACCATATCATAGCATTTACAAAGCTGCTTGAATCTTTAAATACGATTTGAGAT 600
QY 601 GTTACACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGAACCTTATTAACGCTA 660
DB 601 GTTACACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGAACCTTATTAACGCTA 660
QY 661 TTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTATTTATTTATTTATTTATTTA 720
DB 661 TTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTATTTATTTATTTATTTA 720
QY 721 GAATTTGCTGATGATGAGATGACAGATATACATCTTTCACAAATTTGAACTTAATGCTGGA 780
DB 721 GAATTTGCTGATGATGAGATGACAGATATACATCTTTCACAAATTTGAACTTAATGCTGGA 780
QY 781 ACATCAAGATGACTATTAATTAACCTTTTAAAGAAAAATATACCTAATATATGATATTTGT 840
DB 781 ACATCAAGATGACTATTAATTAACCTTTTAAAGAAAAATATACCTAATATATGATATTTGT 840
QY 841 GCAATATCCTTATAGAGAGACTAATTAACCTTGAAGCAAGCTAATATGAGATGAGT 900
DB 841 GCAATATCCTTATAGAGAGACTAATTAACCTTGAAGCAAGCTAATATGAGATGAGT 900
QY 901 ATATTTATGATTTATCGAAGATATATGACTATTAATGATTTAGATGCTCAATTT 960
DB 901 ATATTTATGATTTATCGAAGATATATGACTATTAATGATTTAGATGCTCAATTT 960
QY 961 TCTTTTATGATTAATTAAGATACAAAGATTCATATGAGAAATATAGTGGCATTTAAACT 1020
DB 961 TCTTTTATGATTAATTAAGATACAAAGATTCATATGAGAAATATAGTGGCATTTAAACT 1020

QY 1021 GAACCTTACAAGAGAAATTTATACACGAAATTAATTTTGAACGCTTACTTACCTTGAA 1080
DB 1021 GAACCTTACAAGAGAAATTTATACACGAAATTAATTTTGAACGCTTACTTACCTTGAA 1080
QY 1081 ATTCAACCCAAATTCGCTATATGAGATATTAATTTTAAACGTTTCAGGCTTAAATATTT 1140
DB 1081 ATTCAACCCAAATTCGCTATATGAGATATTAATTTTAAACGTTTCAGGCTTAAATATTT 1140
QY 1141 TCAATTTTATGATGACTATTAATTTTATACAAAGAAACGTAACGGAATGGTTATGT 1200
DB 1141 TCAATTTTATGATGACTATTAATTTTATACAAAGAAACGTAACGGAATGGTTATGT 1200
QY 1201 GGTATTTGCAATGCTAATGATCTACTTATGCTACACAGAACTGAAATATATATGGA 1260
DB 1201 GGTATTTGCAATGCTAATGATCTACTTATGCTACACAGAACTGAAATATATATGGA 1260
QY 1261 GAAAGAACAGTTCACCCACACAAACCTTTAATACATTTGAATCTTAAAGTTTCA 1320
DB 1261 GAAAGAACAGTTCACCCACACAAACCTTTAATACATTTGAATCTTAAAGTTTCA 1320
QY 1321 ATTGTAAGTATGACAGATTAATCTGTAATCCCTTTCTTACATATCTTACAAAT 1380
DB 1321 ATTGTAAGTATGACAGATTAATCTGTAATCCCTTTCTTACATATCTTACAAAT 1380
QY 1381 AATCAATTTGAATCTTATTTAAATTAATTCACCTAGTAAATTAACATATTCAGCTGG 1440
DB 1381 AATCAATTTGAATCTTATTTAAATTAATTCACCTAGTAAATTAACATATTCAGCTGG 1440
QY 1441 GGGAAATTTATCTAATGATTAATAAAACACGATTTTCAATTTCTGTAATAAAAGACTGT 1500
DB 1441 GGGAAATTTATCTAATGATTAATAAAACACGATTTTCAATTTCTGTAATAAAAGACTGT 1500
QY 1501 AAACCAATTAATTAATCAAAATTTGTTACCAAGTAAATATGATATGCTAATTTATCC 1560
DB 1501 AAACCAATTAATTAATCAAAATTTGTTACCAAGTAAATATGATATGCTAATTTATCC 1560
QY 1561 CAGTTTCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTA 1620
DB 1561 CAGTTTCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTA 1620
QY 1621 GGTGATTTAGATGACACACAGTATGTTAATGAAATATGCAATATGCAATTAATAA 1680
DB 1621 GGTGATTTAGATGACACACAGTATGTTAATGAAATATGCAATATGCAATTAATAA 1680
QY 1681 ATTACAAATGATCCAGAAATCAAGATTAAGCTTGAATCAAACTTAAGTAAATGGA 1740
DB 1681 ATTACAAATGATCCAGAAATCAAGATTAAGCTTGAATCAAACTTAAGTAAATGGA 1740
QY 1741 GGAACCTGTCATACAGAGGAACTTGGTTATTTTCAAGTCAAGGCGTTTATGAGATT 1800
DB 1741 GGAACCTGTCATACAGAGGAACTTGGTTATTTTCAAGTCAAGGCGTTTATGAGATT 1800
QY 1801 ACATGTAAGATCTCTAATTTTACACATCTTATTAATTAAGTCAATGCTGACAAAT 1860
DB 1801 ACATGTAAGATCTCTAATTTTACACATCTTATTAATTAAGTCAATGCTGACAAAT 1860
QY 1861 GGTGCTGGAATATCTCTCTAATATATGCTTACAAATACAGAGTAATGGAATGCCA 1920
DB 1861 GGTGCTGGAATATCTCTCTAATATATGCTTACAAATACAGAGTAATGGAATGCCA 1920
QY 1921 CTTCAACGATCAACAACTTTTTCGTACAAATTAATTAATTTTCAATACGAGAT 1980
DB 1921 CTTCAACGATCAACAACTTTTTCGTACAAATTAATTAATTTTCAATACGAGAT 1980
QY 1981 TTTGGGATTTTCAATTTTCAAGTACATTAACCTTTAAATGGAACATACATTT 2040
DB 1981 TTTGGGATTTTCAATTTTCAAGTACATTAACCTTTAAATGGAACATACATTT 2040
QY 2041 ATATTTTATGATGCAAGTATCAATTTCAATTTTATCAATTTTATCAATTTTATTA 2100
DB 2041 ATATTTTATGATGCAAGTATCAATTTCAATTTTATCAATTTTATTAATTTTATTA 2100

Qy 2101 CCAATTACTCTCTGTAGAGCCAAATAGAGAAAAAATAGAACTATCCAAACA 2160
Db 2101 CCAATTACTCTCTGTAGAGCCAAATAGAGAAAAAATAGAACTATCCAAACA 2160
Qy 2161 AAAATAAATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATATATATAGAGCCCAAAAC 2220
Db 2161 AAAATAAATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATATATATAGAGCCCAAAAC 2220
Qy 2221 TATGATATATGATTA 2235
Db 2221 TATGATATATGATTA 2235

RESULT 2
LOCUS CQ868309 2085 bp DNA linear PAT 13-SEP-2004
DEFINITION Sequence 10 from Patent WO2004074462.
ACCESSION CQ868309
VERSION CQ868309.1 GI:5198355
KEYWORDS
SOURCE Bacillus thuringiensis
ORGANISM Bacillus thuringiensis
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.

REFERENCE 1
AUTHORS Carozzi, N., Hargies, T., Koziel, M.G., Duck, N.B. and Carr, B.
TITLE Delta-endotoxin genes and methods for their use
JOURNAL Patent: WO 2004074462-A 10 02-SEP-2004;
Athenix Corporation (US)
FEATURES
source 1. 2085
Location/Qualifiers
/organism="Bacillus thuringiensis"
/mol_type="unassigned DNA"
/db_xref="taxon:1428"
1. 2085
/note="unnamed protein product"
/codon_start=1
/transl_table=1
/protein_id="CAH3950.1"
/db_xref="GI:5198356"
translation="MCGNTQYGDNFETPASADITAAVSAGTIVSGTLLAGIGLITSI
SGPIGAILIISFGLITFVPAGEOKTWTQPIKNGELFVDFPLPESIKOLQOT
LEGPROILQSYNTALDDMRKLRLOAPLPSSALQOALATLKIRFENVHNDPIREIP
GFOLETXYTLPLTYAOKANPHINILQOQABEDERNADHPSQIEPNAQSDDTYK
LKENIPKTSNCAANTYREGNLKNEPWRMSINDYRWITVLDTIAQPSFYDIK
RYKDSIGIGIKTELREIYTBELNPLTYLEIQPLAMENVLTRSGALRSEFLD
ELIPYKNEITGNRLVGIANRRSTYATGTEIYGERGTPTTKLLIPSSYKSLV
TDROYTPSPENIYFTINOIEIYLNPSNKLATYSAGNSNDKTDPOFVKQDC
KPIINPCLPSNYSHTLSOFLSNYSYKGLANILLYTGALGWTSSVARNNAISD
KIIMIPAIKNSLDNTSKVIEGPHGTGNLYLOSQRLEITCTCPSTOSYIRLR
YATNGAGTLEPISLITIPGVIQIPQRLNTPSGTNVNNLQGDGIVFOFSTVTLPL
NRNIPFINRADVNSILIDIKIEPIPTSSVRQNRQKLETTQTKINTFEHTNKN
TLNTEATYDID"

ORIGIN
Query Match 93.3%; Score 2085; DB 6; Length 2085;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 5.4e-211;
Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 151 ATGTCTAAGGGAATACAAATATAGTGTATATTCGAGACATTTGCTAGTCTGATCA 210
Db 1 ATGTCTAAGGGAATACAAATATAGTGTATATTCGAGACATTTGCTAGTCTGATCA 60
Qy 211 ATGTCTGAGATTAGTGAAGTACTATTTGATCCGGTACTCTGTAGCCGGATAGAGTGG 270
Db 211 ATGTCTGAGATTAGTGAAGTACTATTTGATCCGGTACTCTGTAGCCGGATAGAGTGG 270
Qy 61 ATTGCTGAGATTAGTGAAGTACTATTTGATCCGGTACTCTGTAGCCGGATAGAGTGG 120
Db 61 ATTGCTGAGATTAGTGAAGTACTATTTGATCCGGTACTCTGTAGCCGGATAGAGTGG 120
Qy 271 CTCACCTTCATATCCGAGCCGATAGAAATTAATAGGCTAATAATATCTTTGGTACC 330
Db 271 CTCACCTTCATATCCGAGCCGATAGAAATTAATAGGCTAATAATATCTTTGGTACC 330
Qy 121 CTCACCTTCATATCCGAGCCGATAGAAATTAATAGGCTAATAATATCTTTGGTACC 180
Db 121 CTCACCTTCATATCCGAGCCGATAGAAATTAATAGGCTAATAATATCTTTGGTACC 180
Qy 331 CTAACTACTGTCTTTGGCCCGGAGAAACAAGACAGTATGACACAAATTTAT 390
Db 331 CTAACTACTGTCTTTGGCCCGGAGAAACAAGACAGTATGACACAAATTTAT 390

Db 181 CTAACTACTGTCTTTGGCCCGGAGAAACAAGACAGTATGACACAAATTTAT 240
Qy 391 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTACAGAAACATTAACAGTAAAGTAA 450
Db 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTACAGAAACATTAACAGTAAAGTAA 300
Qy 451 CAACTTTAGAGAGATTAGACAAATATTAAGAACTTAATATACAGATTAAGTATGG 510
Db 301 CAACTTTAGAGAGATTAGACAAATATTAAGAACTTAATATACAGATTAAGTATGG 360
Qy 511 AGAAATTTAAAGAGCTACAAAGCTCTGAGATTACCAACATCATCAGATTAACAAGCT 570
Db 361 AGAAATTTAAAGAGCTACAAAGCTCTGAGATTACCAACATCATCAGATTAACAAGCT 420
Qy 571 GCTTGAATCTTAATAATACATTTGAGAAATGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 630
Db 421 GCTTGAATCTTAATAATACATTTGAGAAATGTTCACAAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 480
Qy 631 GGTTCGCAACTTGAACCTTAATAAGCTATTAACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAAT 690
Db 481 GGTTCGCAACTTGAACCTTAATAAGCTATTAACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAAT 540
Qy 691 TTTCAATTAATTAATTAACAACAAGTGTGATGCTGATGAAATGGAATGCAATATA 750
Db 541 TTTCAATTAATTAATTAACAACAAGTGTGATGCTGATGAAATGGAATGCAATATA 600
Qy 751 CATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAGATGCTATTAATCTTTTAAA 810
Db 601 CATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAGATGCTATTAATCTTTTAAA 660
Qy 811 GAAATATACCTTAATATAGTACATATGTCGCAATCTTATGAGAGAGGACTAAATAA 870
Db 661 GAAATATACCTTAATATAGTACATATGTCGCAATCTTATGAGAGAGGACTAAATAA 720
Qy 871 CTTCGAAACGAACTTAATATAGTACATATGTCGCAATCTTATGAGAGAGGACTAAATAA 930
Db 721 CTTCGAAACGAACTTAATATAGTACATATGTCGCAATCTTATGAGAGAGGACTAAATAA 780
Qy 931 ATTACTGTATTAATATGATCTATGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGAGATACAAAGAT 990
Db 781 ATTACTGTATTAATATGATCTATGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGAGATACAAAGAT 840
Qy 991 TCATATGGAAGAATAGGAGGCAATTAACCTTAACAAGAAATTTATTAACAACCTGAA 1050
Db 841 TCATATGGAAGAATAGGAGGCAATTAACCTTAACAAGAAATTTATTAACAACCTGAA 900
Qy 1051 ATAAATTTGACCGCTTACTTACCTTGAATTCGAACCAATCTCGCTAATATGAGAAATAT 1110
Db 901 ATAAATTTGACCGCTTACTTACCTTGAATTCGAACCAATCTCGCTAATATGAGAAATAT 960
Qy 1111 AATTTAACAAGTTCAGGCTTATGATTTTCAATTTTGAATGAACCTTAATTTTATACA 1170
Db 961 AATTTAACAAGTTCAGGCTTATGATTTTCAATTTTGAATGAACCTTAATTTTATACA 1020
Qy 1171 AAAATGGAAGGTAACGGGAATCGTTAGTGTATATGGAATCGTAATATGATCTATAT 1230
Db 1021 AAAATGGAAGGTAACGGGAATCGTTAGTGTATATGGAATCGTAATATGATCTATAT 1080
Qy 1231 GCTACGACGAGAACTGAATATATATATATGAGAGAAAGAAAGAGTCCACCAACAAAAAACT 1290
Db 1081 GCTACGACGAGAACTGAATATATATATATGAGAGAAAGAAAGAGTCCACCAACAAAAAACT 1140
Qy 1291 TTAATACATTTGAATCTTAATAAAGTTTCAATTTGATCTGATATGACAAATTAATCTCTACT 1350
Db 1141 TTAATACATTTGAATCTTAATAAAGTTTCAATTTGATCTGATATGACAAATTAATCTCTACT 1200
Qy 1351 TCCCTTTTCTTAACATATCTTTAACAATTAATCAATTAATGAACCTTAATTAATTAATCA 1410
Db 1201 TCCCTTTTCTTAACATATCTTTAACAATTAATCAATTAATGAACCTTAATTAATTAATCA 1260
Qy 1411 CCTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1470
Db 1261 CCTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1320

QY	1471	GATTTTCAATTCGCTGTAATAAAGACCTGTAAACCAATTAATTAACCAATTTGTTTACCA	1530
Db	1321	GATTTTCAATTTCCGTAAAAAAGACCTGTAAACCAATTAATTAATTAATTCAAATTTGTTTACCA	13800
QY	1531	AGCTAATAATAGTATATAGTCATATATTTTATCCAGTTTCTTATATTAATTAATTTCCATATAA	15900
Db	1381	AGCTAATAATAGTATATAGTCATATATTTTATCCAGTTTCTTATATTAATTAATTTCCATATAA	14400
QY	1591	ATTGAGTTAAGGCTTAAATATATATTAATTAACAGTGTGATTAAGATGGAACAACATATGTTCT	16500
Db	1441	ATTGAGTTAAGGCTTAAATATATATTAATTAACAGTGTGATTAAGATGGAACAACATATGTTCT	15000
QY	1651	AATAGAAATTAATGCAATATCAGATGATAATTAATTAACATGATCCCGACATCAAAAGGTAAAC	17100
Db	1501	AATAGAAATTAATGCAATATCAGATGATAATTAATTAACATGATCCCGACATCAAAAGGTAAAC	15600
QY	1711	AGCTCTGATACAACTCTTAAGGTAATTAAGAGCACTGTCTCATACGAGAGAAACTTGGTT	17700
Db	1561	AGCTCTGATACAACTCTTAAGGTAATTAAGAGCACTGTCTCATACGAGAGAAACTTGGTT	16200
QY	1771	TATTTACAAAGTCAAAGGGCGTTTGAAGTTTACATCTAACAATCCCAATTTCTACACAATCT	18300
Db	1621	TATTTACAAAGTCAAAGGGCGTTTGAAGTTTACATCTAACAATCCCAATTTCTACACAATCT	16800
QY	1831	TATTTACATTAGACTTCGATAGCTTACCAATGGTGTCTGGAATAATCTCTTCTAATATATCT	18900
Db	1681	TATTTACATTAGACTTCGATAGCTTACCAATGGTGTCTGGAATAATCTCTTCTAATATATCT	17400
QY	1891	CTTACAAATACCAAGAGTATATAGGAATACCACTCTCAACGATCAACACAATCTTTTCTGGT	19500
Db	1741	CTTACAAATACCAAGAGTATATAGGAATACCACTCTCAACGATCAACACAATCTTTTCTGGT	18000
QY	1951	ACAAATTAATAATTAATTTCAATAGGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTA	20100
Db	1801	ACAAATTAATAATTAATTTCAATAGGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACAGTA	18600
QY	2011	ACATTACCTTAAATCGAAGCAATACCATTTATATTTAAATCGTGCAGATGTATCAAAATTC	20700
Db	1861	ACATTACCTTAAATCGAAGCAATACCATTTATATTTAAATCGTGCAGATGTATCAAAATTC	19200
QY	2071	ATTTTAATCATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	21300
Db	1921	ATTTTAATCATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	19800
QY	2131	GAAAAAGCAAAATTAAGAACTATCCAAACCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	21900
Db	1981	GAAAAAGCAAAATTAAGAACTATCCAAACCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	20400
QY	2191	AAAAATACCTTTAAATATATAGAAAGCCCAAACTATGATTTGATTTAA 2235	
Db	2041	AAAAATACCTTTAAATATATAGAAAGCCCAAACTATGATTTGATTTAA 2085	
RESULT 3			
CO868305			
LOCUS	CO868305	2208 bp	DNA
DEFINITION	Sequence 6 from Patent WO2004074462.		linear
ACCESSION	CO868305		
VERSION	CO868305.1		GI:51998351
KEYWORDS			
SOURCE			
ORGANISM			
			Bacillus thuringiensis
			Bacillus thuringiensis
			Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
			cereus group.
REFERENCE			
AUTHORS			1
TITLE			Carozzi,N., Hargis,B., T., Kozieł,M.G., Duck,N.B. and Carr,B.
JOURNAL			Delta-endotoxin genes and methods for their use
			Patent: WO 2004074462-A 6 02-SEP-2004;
			Athenix Corporation (US)
FEATURES			
			1..2208
Source			/organism="Bacillus thuringiensis"

```

CDS
    /mol_type="unassigned DNA"
    /db_xref="taxon:1428"
    1..2208
    /note="unnamed protein product"
    /codon_start=1
    /transl_table=11
    /protein_id="CAH3948.1"
    /db_xref="GI:51988352"
    /translation="MNONNDNEEIIIDSTSPFPRNRNSDSKPYPTNNPNOPLONT
NYELNMWCCQNVQDGNFETFAADITIAASACTIVSGILAAIGLTSISGPIGII
GAIISGTLITVFWPAGBQDKTWVFQKNGELFVPLPEVDSFKOLQQLBEGRQ
LOSNTLADDMRKLKRLQAPGLPPSSALOQALTLKRLFEVNDHFIREIQLEPQET
KTLILPYAQAANFHLILQOGAELADENMADIIPSOILEPAGNSDVPYIKLKNIP
KSNYCAATVARGKKNLDEPNRKEISINDYRWYITLVDIISOYLDIRKSDISCI
GIEVKGIKRELIREIYITTEINFDRLPOLRPOPLNATERNLTRASFELBQPIF
TEVTFENGLRVGISNRDAPYSNTITSLTGERGSLPTTKTRIPRESKVISIVDRQ
PVPSPIDPFPIINDIELYLNGSSNNLTAKSAGGSLSNYQNTFPOFEPKKDCNVIDID
GCSNFPNNYSHIILSHFSLFTYSYVIGLOQLIDGVLGWTHSSVDRYALIDKLTIMG
PAIKGNLIDNNSKVLIEGPHGTGNLVLLOSQGRLEICEPTNSQSYIRLRVANGT
GNLPNLSLIPGVIGIIPORLNNTPSGTYNNI.OYDFGFORPSYTLRLANINIP
IPNRADVSNLILIDKIEFIPITSMHONRKOLETIQTINPFPNHTKTL"
ORIGIN
Query Match      85.2%; Score 1903.8; DB 6; Length 2208;
Best Local Similarity 92.2%; Pred. No. 1.2e-246;
Matches 2030; Conservative 0; Mismatches 162; Indels 9; Gaps 2
QY      8 AAAAAATATATATGAAATATGAGATTAATCGATTCAAGAATTTATCTTACCTTCTAA 67
Db      11 ATAACGATTAATAAGAAATATGAAATTAATGATTCGCAATCACTCACTTAATTTCCGAACA 70
QY      68 GAAATATTGATCATTTCAATGATACCCCTTAACCAATTAATCCAAATCAACATTAACAAACA 127
Db      71 GAAACAGTAATGATTTCAAGATACCCCTTAACCAAAATTAATCCAAATCAACATTAACAAACA 130
QY      128 CAAATTTCAAAAGATGGCTCAATATNGTCAAGGGAATAACAATATGCTGATTAATTCG 187
Db      131 CAAATTTCAAAAGATGGCTCAATATGCTCAAGGGAATACCAATATGCTGATTAATTCG 190
QY      188 AGACATTTGCTAGTGTGATACAATTTGCTGCAGTTAGTGCAGGTACTATTTGATCCGGTA 247
Db      191 AGACATTTGCTAGTGTGATACAATTTGCTGCAGTTAGTGCAGGTACTATTTGATCCGGTA 250
QY      248 CTCGTGTAACCGGTATAGTGTGGCTCACTTCTATATCCGAAACCGATAGGAATATAGTGTG 307
Db      251 CTCGTGTAACCGGTATAGTGTGGCTCACTTCTATATCCGAAACCGATAGGAATATAGTGTG 310
QY      308 CTATTAATTAATCTTTGGTACCCCTAATCACTGTCTTTGGCCCGCGGGAAGAACAAACA 367
Db      311 CTATTAATTAATCTTTGGTACCCCTAATCACTGTCTTTGGCCCGCGGGAAGAACAAACA 370
QY      368 AAACAGTATGACACAATTTTAAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAG 427
Db      371 AAACAGTATGACACAATTTTAAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAG 430
QY      428 AAAGCATAAACAGCTAAAGTTAACAACTTTAGAGAGATTTAGACAAATATTTACAAAGCT 487
Db      431 AAAGCATAAACAGCTAAAGTTAACAACTTTAGAGAGATTTAGACAAATATTTACAAAGCT 490
QY      488 ATATATACGCAATTGATGATTTGGAGAAATTTAAAGAATTAAGAAGCTCTGATTAACAC 547
Db      491 ATATATACGCAATTGATGATTTGGAGAAATTTAAAGAATTAAGAAGCTCTGATTAACAC 550
QY      548 CATCATCGCAATTACAACAGCTGCTCTGATCTCTTAAATAATAGATTTGAGAATGTTCACA 607
Db      551 CATCATCGCAATTACAACAGCTGCTCTGATCTCTTAAATAATAGATTTGAGAATGTTCACA 610
QY      608 ATGATTTTATTCAGAAATATCTGGTTTCCAACTTGAAACTTATTAACACGCTATATCTAC 667
Db      611 ATGATTTTATTCAGAAATATCTGGTTTCCAACTTGAAACTTATTAACACGCTATATCTAC 670
QY      668 CTATTTATGGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATACACAGAGTGTGAATTGG 727

```

```

Db      671  CTAATTTATGCGAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAAGAGTCGTAATGG 730
Qy      728  CTGAGATGGAATGCAAGATATACATCCTTCGCAAAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCG 787
Db      731  CTGAGAAATGGAATGCAAGATATACATCCTTCGCAAAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCG 790
Qy      768  ATGACATTAATTAATCTTTTAAAGAAATATACCTAATATATGTAACCTATTTGCAATA 847
Db      791  ATGACATTAATTAATCTTTTAAAGAAATATACCTAATATATGTAACCTATTTGCAATA 850
Qy      848  CCTATAGAGAGAGCAATAATACTTCGAAACGAACCTAATATGATGAGATGATATATTA 907
Db      851  CCTATAGAGAGAGCAATAATACTTTAGAGAGCAACCAATATGAAATGAGATATATTA 910
Qy      908  ATGATTAATGGAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 967
Db      911  ATGATTAATGGAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 970
Qy      968  ATGATTAATGGAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1021
Db      971  ATGATTAATGGAAGATATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1030
Qy      1022  AACTTACAAGAGAAATTTATACACTGAATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACTTGA 1081
Db      1031  AACTCACAAGAGAAATTTATACACTGAATTAATTTTGAATGCTCTTACTTACTTGA 1090
Qy      1082  TTCAACCCCAATCTCGCTATATATGAAATTAATTTTAACAGCTTCAGGCTTAATTTT 1141
Db      1091  TTCAACCCCAATCTCGCTATATATGAAATTAATTTTAACAGCTTCAGGCTTAATTTT 1150
Qy      1142  CATTTTATGATGACCTTATATTTTATTAACAAAATGAAGATGCGGGAATGCTTATG 1201
Db      1151  CATTTTATGACAAATTTATTTTATTAACGAAAATTAACAAATTCGGGAATGCTTATG 1210
Qy      1202  GTATTGCGAATGCTATATGATCTACTTATGCTACGACAGGAACCTGAATTTATATGAG 1261
Db      1211  GTATTGCTAATGCTATATGACCTACTTATGCAATTAATTAATTAATTAATTAATGAG 1270
Qy      1282  AAAAGACAGGTCACCCACACAACTTTAATACCATTTGAATCTTAAAGTTTCA 1321
Db      1271  AAAAGACAGGTCACCCACACAACTTTAATACCATTTGAATCTTAAAGTTTCA 1330
Qy      1322  TTGTACGATGACAGTATCTGCTACCTCCCTTTTCTTAACATATCTTTACAATTA 1381
Db      1331  TTGTACGATGACAGTATCTGCTACCTCCCTTTTCTTAACATATCTTTACAATTA 1387
Qy      1382  ATCAATGGAACCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1441
Db      1388  ATCAATGGAACCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1447
Qy      1442  GGAATTTATCTATGATTAATAAACAAGCTGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGA 1501
Db      1448  GGTCTTTATCTATTAATTAATAAACAAGCTGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGA 1507
Qy      1502  AACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1561
Db      1508  ATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1567
Qy      1562  AGTTTTCCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1621
Db      1568  ATTTTTCCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1627
Qy      1622  GTGATTAAGATGACACAGTATGTTAATTAAGAAATTAATGCAATATCAATTAATA 1681
Db      1628  GTGATTAAGATGACACAGTATGTTAATTAAGAAATTAATGCAATATCAATTAATA 1687
Qy      1682  TTACATATGATCCAGCAATCAAGGTATGATGCTTGTATCAAACTTAAGTATTAAT 1741
Db      1688  TTACATATGATCCAGCAATCAAGGTATGATGCTTGTATCAAACTTAAGTATTAAT 1747
Qy      1742  GACCTGCTATACAGAGAGAACTTGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1801
Db      1748  GACCTGCTATACAGAGAGAACTTGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1807

```

```

Qy      1802  CATGAGAACTCTTAATTTCTACACAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1861
Db      1808  CATGAGAACTCTTAATTTCTACACAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1867
Qy      1862  GTGCTGAAATTAATCTTCTTAATATATCTCTTACAAATACAGAGATTAATAGAAAT 1921
Db      1868  GTGCTGAAATTAATCTTCTTAATATATCTCTTACAAATACAGAGATTAATAGAAAT 1927
Qy      1922  CTCAACGACTCAACAACCTTTTCTGCTACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1981
Db      1928  CTCAACGACTCAACAACCTTTTCTGCTACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1987
Qy      1982  TTGGGTATTTTCAATTTCCAAATGACAGTAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2041
Db      1988  TTGGGTATTTTCAATTTCCAAATGACAGTAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2047
Qy      2042  TATTTAATCTGACAGATGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2101
Db      2048  TATTTAATCTGACAGATGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2107
Qy      2102  CAATTAATCTTCTGCTACGCAAAATTAAGAGAAACAAATTAAGAAATTAAGAAAT 2161
Db      2108  CAATTAATCTTCTGCTACGCAAAATTAAGAGAAACAAATTAAGAAATTAAGAAAT 2167
Qy      2162  AAATTAATCAATTTTTCACAAATCAATTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2202
Db      2168  AAATTAATCAATTTTTCACAAATCAATTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2208

RESULT 4
BTTOXD1
LOCUS      3543 bp      DNA      linear      BCT 18-APR-2005
DEFINITION Bacillus thuringiensis gene for 130 kDa delta-endotoxin.
ACCESSION  Y00423
VERSION     Y00423.1 GI:40351
KEYWORDS   delta-endotoxin; endotoxin.
SOURCE      Bacillus thuringiensis
ORGANISM   Bacillus thuringiensis
REFERENCE   1 (bases 1 to 3543)
AUTHORS    Ward E.S. and Ellar D.J.
TITLE      Nucleotide sequence of a Bacillus thuringiensis var. israelensis
            gene encoding a 130 kDa delta-endotoxin
JOURNAL    Nucleic Acids Res. 15 (17), 7195 (1987)
PUBMED     2821500
REFERENCE   2 (bases 1 to 3543)
AUTHORS    Ward E.S.
TITLE      Direct Submission
JOURNAL    Submitted (11-MAY-1987) Ward E.S., University of Cambridge,
            Department of Biochemistry, University of Cambridge, Tennis Court
            Rd., Cambridge CB2 1QW
COMMENT     *strain= var. israelensis;
            Data kindly reviewed (12-JAN-1988) by Ward E.S.
FEATURES
            source
            CDS
            1..3543
            /organism="Bacillus thuringiensis"
            /mol_type="genomic DNA"
            /db_xref="taxon:1428"
            1..3543
            /note="unnamed protein product; endotoxin (AA 1-1180)"
            /codon_start=1
            /transl_table=11
            /protein_id="CA68485.1"
            /db_xref="GI:40352"
            /db_xref="GOA:P16480"
            /translation="NPNYONKRYETLAAQKXINNNYRYPPIENSPKOLQSTNY
            KDWLMQCONQYGDPEPTPDSGLSAYTVNGVLTGRGPTPIGALIGFGLIP
            VLFPADQSNWSDFTYTKNLIKELISTYSNNKILNSFNVISYHHNLTWEN
            NPNPQNTDVRTOIDLVHYFQNTVPELVNSCPNPSPCDYNNILVSSVADPAHL
            TVLNAVFEAYLKNRNPYLEPILPTAIDYPAVLTKAIBDYTNKCTVYKGLMLIK

```

TTPDSNDGNINNTVNTYRTKTTAVLDVVALFPNDVCKPIPGVOSLREIYQVL
 NFEESEPKYYDFOYQEDSLTERPHLFWLSDINFLYERAKQTPNPFPSHWMFETLD
 NISOKSSVFNHNTYDLYKSLGLANTNFIPLNVI SLDNKLDNTNII SKMDPFIITNG
 TRLEKELTAGSGQITVDVNKNIFGLPIKRENOGNPTLEPTDYNDSHILSPKISLS
 IPATKYOVUTFAWTHSSVDPKNTIYHLLTQIPAVRANSLSTKSVQVGHGPHGL
 IDPDHKKITCOHNSPOOSYFIRIRVANSNGANTRAVNLSIPVABELGMAINTFEG
 IDRTNLKDKQYILEFSENEVFAPRQNSILFVNSDVTNTVLIDIKI EPLITRSIR
 EDERKQKLETVQOIIINTEVAPINIKNTLOSELTDYDIDQANLVISEBELPKEMSLR
 LDENVAKOLSSRNVLQNGDPESATLGMTSDNITIOEDPIFKGHYLMGSDID
 GTIPPTVFOKIDSKLPYRVLVGVGSKDVELVSEYGEIDAIMNVPADLVY
 LPTSPDCEGNSRCETSAPNIGNTSPMLTSCYDPTGKXKHTVCODSHOSPITDGA
 LDPTENIGVWMEKISPPDYSASLDNLEVEISGPIDEBALSRVHEKKNQDQEAR
 SETQOADVAKOAIIDALFTNVQDEALQDFTLAIQYAEYVOSIPYVNDMSDVEG
 MNVIDIYELDARVAQARLYDINIKNGDFTQVGMGHVGNADVOQIDGSEVLVS
 NMSAGVQNVHLQHNHGVILGIKREKGPNGYVTLMDWENOKLFTSCSEBGYITK
 TVDVPDIDRVRIEIGETESFYIESIELICMNE"

old_sequence
 /note="g was a in [1]"
 /citation=[2]
 919
 922
 /note="g was a in [1]"
 /citation=[2]

Query Match 17.2%; Score 384.6; DB 1; Length 3543;
 Bees Local Similarity 52.8%; Pred. No. 1.2e-42;
 Matches 1178; Conservative 0; Mismatches 969; Indels 82; Gaps 13;

ORIGIN
 Query Match 17.2%; Score 384.6; DB 1; Length 3543;
 Bees Local Similarity 52.8%; Pred. No. 1.2e-42;
 Matches 1178; Conservative 0; Mismatches 969; Indels 82; Gaps 13;

12 TAATAATATGAATATGAGATTATGATTCGAAGAATTATCTTATCCTTCAACAGAA 71
 9 TTAATCAAAATATAAATGATATGAAACATTAAATCTTCACAAAAATAATTAATATATC 68
 72 TATTGATCATTTCTAGATACCTTACACAAATATCCAAATCAACCATTCACAAAACAAA 131
 69 TAAATATATACAGATATCCAAATAGAAATATGTCACAAAACAATATATACAAAGTACAA 128
 132 TTACAAAGAGTGGCTCAATATGTGTCAAGGAATACAAATATGTGTATTAATTTGAGAC 191
 129 TTAATAAGATTGGCTCAATATGTGTCAAGGAATACAGATATGTGTGAGATTTTGAAC 188
 192 ATTGCTAGTGTGTAACAATTGCTGAGTTAGTGCAGATATGTAATGTAATCGGATCCT 251
 189 TTTTATTGAT-----AGTGTGAATCTCAGTCCCTATACATATGTGATGGGACCGT 239
 252 GTTAGCCGGTAAAGTGGCTCACTTCTATATCCGACCGATAGGAATATATAGTGTAT 311
 240 ACTGACTGCT-----TTGGGTTCAACAACCCCTTAGACTTGC 278
 312 AATAATATCTTTGGTACCTTATACATGCTCTTTGGCCCGGGAGAAACAACAAC 371
 279 TTTAATAGTTTGGTACATTAATACAGTCTTTTCCAGCCCAAGACCATCTAACAC 338
 372 AGTATGACACAAATTTATTAATAGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAAC -GAA 430
 339 ---ATGAGTACCTTATTAACAACAACCTAAATATTTATAAAGAAAGAAATGACATCAC 395
 431 GCATTAACACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTAGACAAATATTTACAAAGCTATA 490
 396 ATATATATAGTATGCTAATAAATTTTAAACAGGTCGTTATATGTTATACACACTATCA 455
 491 ATACAGCATTTAGATTGGAGAAATTTAAAGACATCAAGCTCTGATTTACACCAT 550
 456 TAAATCACTTAAACATGAGAGAAATATCCAAACCAAAATATCTCGAGATGTAGAGA - 514
 551 CATCAGCATTAACAAGCTGCTGACCTTTAAATATGATTTGAGATGATTCACAAATG 610
 515 ---CACAATTCAGCTAATTTCAATTCATTTCAAAATGTCAATTCACAGCTGTAACT 571
 611 ATTATATTCAGAAATACCTGTTTCAACTGGAATTAATAAAGCTATTTACTACTA 670
 572 CTGTGCTCTTAATCTAGTATGCT-----GATTACTATTAACAATATTAATTTATTA 625
 671 TTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAACAAGTCTGAATTTGCTG 730

626 GTTATGACACAAGACGAAACCTTACATCTGACTGATTAATTAACAAGCCGTCAAAATTTGAG 685
 731 ATGAATGGAATGACAGATATATCATCTCTTCACAAAATTTGAACCTAATNGCTGGAATTCAGATG 790
 686 CGATTTTAAAAAACAATCGAACAATTCGATTTTAAAGCCCTTGGCC---AAGCAATTTG 742
 791 ACTATTTAAACTTTTAAAGAAATATACCTTAATATAGTAACTAATTTGTCAAAATACCT 850
 743 ATATATATTCAGATTTACATTAAGGCTATATACAGATTTACATTAATATTTGTATAACAAT 802
 851 ATAGAGAGGACATTAATTAACCTTGAAGCAACCTTAATATGAGATGAGATATTTATG 910
 803 ATAAAAAGATTAATTAATTAATTAACGACGCTGTATGTATCTTGAAGAAATATAA 862
 911 ATATGCAAGATATATGACTATTAATGATATATGATATGATCTGCAATTTTCTTTTATG 970
 863 ACTGGAACACATACATACATGCTATTCGAAACAAAATGACTGCTGATTTATGATGTTG 922
 971 ATATTAAGAGATTAACAAGATTCATATAGGAAGAAATAGTGGCATTAATACTGAACCTTACAA 1030
 923 CACTCTTCTTAATATATGATGATGATTAATATCCAAATAGGTGTCAATCTGAACCTTACTC 982
 1031 GAGAAATTTATACACTGAATTAATTTGACCGTCTTACTTACTTACTTGAATTTCAACCCA 1090
 983 GAGAAATTTAT-----CAGTACTTAACCTTGAAGAAAGCCCTTAATTAATATATATGAC 1035
 1091 ATCTCGCTATATATGATATATATTAATTAACAGTTCAGGGCTTATAGTATTTTCTAG 1150
 1036 TTTCAATATCAAGAGATTTACCTTACAGTACGACCGCATTTATTTACTTGCTGATTTCT 1095
 1151 ATGAACCTTAATTTTATTAACAAGAAATGAACGTAACGGAAATCGTTATGTTGATTCGA 1210
 1096 TGAATTTTATGAAAAAGGCAAACTACTCTAATTAATTTTTCACAGCCATTAATAT 1155
 1211 ATGCTAATATGATCTACTT-ATGCTAGACAGGAATCTGAATTTATATGAGAAAGACA 1269
 1156 ATGTTTCATTACACACTGATTAATATATATCCAAAATCTGATGTTTGAAGAAATCACAAT 1215
 1270 GATCCACCAACAACAAAACCTTAATATCAATTTGAATCTTAATGAATTTCAATTTGACT 1329
 1216 GTAACTGATTAATTAATATCTCTGTTGGTGGCAACAATATTTATATTTTATTTAAT 1275
 1330 GATAGACAGTAACCTCTACTCTCCCTTTTCTTAACATATATCTTACAAATTAATCAAAAT 1389
 1276 GTCAATAGCTTAATTAATTAATATCTAATATGATTAATTAATATATGATAAATGCAATTT 1335
 1390 GAACCTTATTTAATTAATTAACCTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTA 1449
 1336 TTTATTAATAAGTATGATTAAGCTTTTGGAGAAAGAACTTACACAGAGATCTGGGCAATA 1395
 1450 TCTAATGATTAATAAACAACATGATTTCAATTTCTGTAAATAAAGCTGTAACAAT 1509
 1396 ACTTATATGATTAATTAATAATTTTGGGTTACCAATTTCTTAAGACAGAGAGATCA 1455
 1510 ATTAATCAAAATTTGTTTACCAAGCTATTAATATATAGTATATTTATCCAGTTTCT 1569
 1456 GAAACCCCTACCTTTTCCAACTATGATTAATCAATATGATTAATTTATCAATTTATTA 1515
 1570 TTAATTAATTTATCTTAATAAATTTGATTTAGCGCTAATATATTAATTAACAGGTCATTA 1629
 1516 AGCTTATGATATCC-----TGCAACATATTAATACTCAAGGTATACCTTT 1560
 1630 GATGACACACAGTATGTTTAAATTAAGAAATATGCAATATCAATTAATAATTAACAATG 1689
 1561 GCTTGGACACACTTATGATGTTGATCTTAATAATCAATTTTATACACTTTAACTAACCA 1620
 1690 ATCCAGCAATCAAAAGGTAAACAGCTTGTATACAACTTAAGGTAAATGAGAACCTGCT 1749
 1621 ATTCAGCTGTAATAAGGAATTCAGCTGGGACGCTTCTTAAGGTGTTCAAGGACCTGCT 1680
 1750 CATACAGAGGAACTTGTTTATTTTAAAGTCAAGGCGTTTATGAGATTTACATGTAGA 1809


```

Db      1681 CATACAGAGGAGGATTTATGATTTCAAGATCA-----TTTCAAAATATACATGTCAA 1734
Qy      1810 ACTCTATTTCTACACATCTTATTAAGTACCTGATACGCTACAAATGCTGCTGA 1869
Db      1735 CACTCAATTTTCAACAAATCGATTTTAAAGAAATTCGTATGCTTCAATGGAAGCGCA 1794
Qy      1870 AATATCTTCTCAATATATCTCTTCAATACAGAGATTAATGAAATCCACTCAAGCA 1929
Db      1795 AATATCTGACGTATTAATATCTTATGATCCAGAGG---TACGAACTGGGATGCGCA 1851
Qy      1930 CTCAACCACTTTTCTGATCAAAATTAATAATTAATTAACATACGAGATTTGGGAT 1989
Db      1852 CTCAACCCACTTTTCTGATCAAGATTAATACGAATTTAAATATAAAGATTTTCAGTAC 1911
Qy      1990 TTCCATTTCCAGATGATACATTAATTAATTCGAATACCAATTCATTTATTTAT 2049
Db      1912 TTAGAAATTTTCAACGAGGTGAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTCTGTGTAT 1971
Qy      2050 CGTGCAGATGAT---CAAAATCAATTTTAATCATTTGAATAAATGAATTAACCAAT 2106
Db      1972 CGTTGGATGTATATACAAACACACAGTACTTATGATTAATTAATTTGCGCAAT 2031
Qy      2107 ACTCTCTGTACGCAAAATAGAGAAAAACAAAAATTAAGAACTATCCAAACAAAAATA 2166
Db      2032 ACTGCTCTATAGAGAGATAGAGAGAAACAAAATTAAGAAACGTAACAATAATTAAT 2091
Qy      2167 AATACATTTTTCACAAATCATACAAAAATCTTTAATATATGAGCCAAACTATGAT 2226
Db      2092 AATACATTTTATGCAAAATCTATATAAAAAACATTACATCAGAACTTACAGATTATGAC 2151
Qy      2227 ATTGATTA 2235
Db      2152 ATAGATCA 2160

RESULT 5
BACISRH4
LOCUS      BACISRH4      4253 bp      DNA      linear      BCT 17-FEB-1998
DEFINITION Bacillus thuringiensis israelensis plasmid gene for 130 kDa
              insecticidal protein (ISRH4), complete cds.
ACCESSION   D00248
VERSION     130 kDa insecticidal protein (ISRH4).
KEYWORDS    130 kDa insecticidal protein (ISRH4).
SOURCE      Bacillus thuringiensis serovar israelensis
ORGANISM    Bacillus thuringiensis serovar israelensis
            Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
            cereus group.
REFERENCE   1 (bases 1 to 4253)
            Sen, K., Honda, G., Koyama, N., Nishida, M., Neki, A., Sakai, H.,
            Himeno, M. and Komano, T.
            Cloning and nucleotide sequences of the two 130 kDa insecticidal
            protein genes of Bacillus thuringiensis var. israelensis
            Agric. Biol. Chem. 52, 873-878 (1988)
JOURNAL     The genes of ISR3 and ISR4 that were 130 kDa insecticidal
COMMENT     proteins of Bti were sequenced and compared with other insecticidal
            protein genes. ISR3 and ISR4 were identical in a region of the
            C-terminal 467 amino acids.
            location/Qualifiers
FEATURES
SOURCE
1..4253
/organism="Bacillus thuringiensis serovar israelensis"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="HD522"
/sub_species="israelensis"
/db_xref="taxon:1430"
/clone="PBGH4"
/plasmid="Bti-5 and Bti-6"
/notes="976 bp downstream of HindIII site"
381..385
/notes="Shine-Dalgarno sequence"
393..3935
/codon_start=1
/transl_table=11
/product="130 kDa insecticidal protein (ISRH4)"

```

ORIGIN

```

/protein_id="BAA00179.1"
/db_xref="gi:216290"
/translation="MNPYONKNEVEITLNASOKKLINTSNTRYPIENSFKOLIOSTNY
KDIILMCOQNOYGGDEFETIDSELSATTVVGVLTNGPFTPLGLALIGRTLIP
VLFPADQDSNTSDIFITQTKI IKKEIASITISNANKLINSFVNITVHNAALIKWEN
NPNPONTQDVNTQIOLVHYRQVNIPELVNSIPNPSDCDYNIILVSSVAAALHL
TVLNOAEFEAVYIKNNRQFDYLEPLPVALIDYVPILYKAICTVYKGLIK
TTPDSNLDGNINNTVYTRKMTVALIDVALPNNVDVGRKPIGVGSELREIYQV
NFEESPVKYVDPOYQEDSLPRPHLFTNLTINVEKRAQTPNNPFTHMPPHTLD
NISQSSVFENRNTVTKLSIGLATNTYITFLAVNISDNKLTNDYNNISKNDPRTTG
TRLEKELTAGSGQITVDVKNITIGLPIKREKQNPTEPPTDNTSHLSFKSLIS
IPATKTOVYTFAMTHSSVDPKNTIYHLLTQIDPAAVANSIGTASKVQVGGHGTGL
IDPDHKEITCOHNPFOOSYFIRIYVNSGSAFVAVNINISIPGVAELGMLNPTFG
TDYTNLKYKDFQYLEFSPNEVFEAPNONSIVFNSRDVYNTTVLIDIKLEPLPIRSIR
EDREKQLETVQOITNTPYANPIKNTLOSETLVDIDIOAANLVCSISELYPKERML
LDEVRKAKQUSQSRNVLQNGDFESATIGMTSTSDITTOEDDPITRGHTLMSGRDID
GTIPEPTIYFOKIDSKLPYRKYLVRFVSGSKQVELVSRVGEIDAINVADPLNY
LYSPFDPEGNSRNCETSAVPANIGNTDMYSQCYDQKRVVCODSHQFPTIDTGA
LDTNENIGVWVWFKISSPDGYASLDNLEVEIEGPIDSEALSIVKHEKKNNDOMEAKR
SETQOAVDVAKOALIDALFTNVQDEALPDTLQIOYAEYLVGSIPIYVNDMLSDVP
MNYDIIYVLDARVAGAYIYDTRNITIKNGDPTQGVNMCHVTGNADVQOIDGVSVLYIS
NMSGVSONVHLQNHGIVLRVIAKKGPGNGIVTLMDCENQKLTFTSCBEGITIK
TVDFPPTDVRVRIEIGTEGSFYIESELICMNE"
```

```

Query Match      17.2%; Score 384.6; DB 1; Length 4253;
Beet local Similarity 52.8%; Pred. No. 1.1e-42;
Matches 1178; Conservative 0; Mismatches 969; Indels 82; Gaps 13;

```

```

Qy      12 TAATATATAGAAATATGAGATTAATGATTCAGAAATTTATCTTATCTTCAACAGAA 71
Db      401 TTATCAAAATATAAATATGATATGAACATTAATGCTTCAAAAATAATTAATATATTC 460
Qy      72 TATGATCATTCGTAGATACCTTTACACAAATTAATCAACCATTAACAAACACAA 131
Db      461 TAATATATATACAAGATATCAATAGAAATATGTCAAAACAAATTAATTAACAAAGTACAA 520
Qy      132 TTACAAAGAGTGCCTATATGTCACAGGAAATACAAATATGCTGATTAATTTGAGAC 191
Db      521 TTATTAAGATTTGCTCAATATATGTCACAGATACAGATATGATGATTTTGAAC 580
Qy      192 ATTTGCTAGTCTGATACAAATGCTGAGTAGTACAGTACTATTTGATCCGATCTCT 251
Db      581 TTTTATTTAT-----AGTGTGAATCTAGTCCCTATCTATTTGATTTGGGACCGT 631
Qy      252 GTTAGCCGTATAGGTGGCTCATCTTATATCCGACCGATAGGAATTAATGTGCTAT 311
Db      632 ACTGACTGCT-----TTGCGGTTTCAACACACCTTAGGACTTGC 670
Qy      312 AATATATCTTTTGTACCTTATATCATCTCTTTTGGCCCGCGGAGAAACAAAGAAAC 371
Db      671 TTTAATATAGTTTGTATTAATTAACAGATCTTTTTCAGCCCAAGCAATCTTACAC 730
Qy      372 AGATAGCACAAATTTAATAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTTACAGAA 430
Db      731 ---ATGAGTACCTTTATTAACAAACTTAATATTTTAAAAAAGAAATATGATGATCAAC 787
Qy      431 GCATTAACACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGAGATTTAGCAAAATATTAACAACTATA 490
Db      788 ATATATATGATATGATTAATAATTTTAAACAGGTCGTTTATGTTATACAGACTTATCA 847
Qy      491 ATACAGCATTAATATATGAGAAATTAATAAAGCTACAGCTCTGATTAACACAT 550
Db      848 TAATCACTTAATAACATGGAGAAATTAATCAACCAAAATATCTCAGAGATGAGAG- 906
Qy      551 CATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAATTAATAATAGATTGAGATGTTCAATG 610
Db      907 ---CACAATTCAGTATTTATTAACATTTTCAAAAATGATTCAGAGCTTGAATCT 963
Qy      611 ATTTATTCGAGAAATACCTGCTTCAACTTGAATTTATTAACAGCTTATTTACTACTA 670
Db      964 CTGTCTCTCTTAATCTTATGATTTGC-----GATTACTATTAACATCTAGATTTATCTA 1017

```

QY	671	TTTATGCGCAACCTGCTAATTTCTTCAATTAATTTTCAACAAGAGCTGAATTTGGTG	730
Db	1018	GTTATGCAACAGACGAGAACTTAACCTGACGTATTTAATCAACCGCTCAATTTGAAG	1077
QY	721	ATGAATGCAATCAGATATACATCCTTCACAAAATGAACCTTAATCTGGAAATCAGATG	790
QY	791	ACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATDCTAAATATATGTAATCTATTTGCAAAATCT	850
Db	1135	ATTATATTCAGTATGTGACTAAAGCTATGAAAGATTACCTAATATTTGTGTAACAATT	1194
QY	851	ATAGGAAGGACTAATATACTTCGAAACGAACTTAATGAGATGAGATATTTATG	910
Db	1195	ATPAATAAGGATTTAATTTAATTAAGACGACCGCTGATATGTAATCTTGATGGAATAA	1254
QY	911	ATTATCGAAGATATATGACTATTAATCTGATTTATGTAATGCTCAATTTTCTTTTATG	970
Db	1255	ACTGGAACACATACATATGTAATCGAAGAAATATGACTATGCTGTATTAATCTTTG	1314
QY	971	ATAATAAGATATCAAAAGATTCAATAGAGAAATGAGGCAATTAATCTGAATTC	1030
Db	1315	CACCTCTTCTTAATATGATGTAGGTAAATATCAATATGAGTGTCAATCTGAATTC	1374
QY	1031	GAGAAATTTATACATGGAATAATTTTGAACCGTCTTAATCTTGAATTTCAACCA	1090
Db	1375	GAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATCTTGAAAGAACCCCTTAATTAATTTATGAC	1427
QY	1091	ATCTGCTATTAATGCAATTAATTTTAAACGTTTCAAGGCTTATGATTTTCAATTTT	1150
Db	1428	TTTCAATATCAAGAGATTCATTAACGTATGACCGCATTTTATCTTGGCTGATTTCT	1487
QY	1151	ATGAACCTATATTTTATACAAATAATGAACGTACGGAATCGTTAGTGTGATTTGGA	1210
Db	1488	TTGAATTTTATGAAAGACGCAACCTACTTAATATTTTTCACGACCATTAAT	1547
QY	1211	ATCGTAATGATCTTCT-ATCTGACGACAGAACTGAATATATATGAGAAAGAA	1268
Db	1548	ATGTTTCATTTACACCTGATATATATATCCAAATAATCTAGTTTTTGGAAATCAAT	1607
QY	1270	GGTCAACCAACAAACAACTTAAATACATTTGATGCTTAATGTTTCAATTTTACT	1329
Db	1608	GTAATCTGATTAATTTAAATCTCTTGGTTTGGCAACAAATTTTAATTTTATTAAT	1667
QY	1330	GATAGACAATACCTCTAATCTTCCCTTTTCTTAACATATACCTTTTACATTAATCA	1389
Db	1668	GTCATAGAGCTGTAGTAATTAATATCTAATGATTAATTAATTAATTAATGAATG	1727
QY	1390	GAACTTATTTAAATATATTCACCTATGATTAATTAACATATATGCTGGGGGAATTA	1449
Db	1728	TTTATTAATCAATATGTAATGATCTTTTGGAAAGAACTTACAGCAGATCTGGGCA	1787
QY	1450	TCTAATGATTAATAAACAACGATTTTCAATTTCTCGTAAATAAAGACTGTAACCA	1509
Db	1788	ACTATATGATTAATTAATAATATTTTGGGTTTACCAATTTCTTAACGAAGAGATCA	1847
QY	1510	ATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTAATATAGTTATAGTCATATTTTATCCAGTTTCT	1568
Db	1848	GGAAACCCGTAACCTTTTCCAAATATGATTAATCTATGCAATTTTATTAATTA	1907
QY	1570	TTATTTAATATATCTTATTAATTTGGATTTAGGCTTAATATATATATACAGGTG	1629
Db	1908	AGCTTTAGTATCC-----TGCATATATTAATAACCAAGTATATCGTTT	1952
QY	1630	GGATGAGACACAGATAGTTATATGAATAATGCAATATGCAATAATAATTAATG	1689
Db	1953	GCTTGGACACACTCTATGCTATCTTAAATAATCAATTTATACATTTTATTAATCC	2012
QY	1690	ATCCAGCAATCAAAAGTAAACAGCTCTTGATCAAACTTAAGTATTTGAAGACCTG	1749
Db	2013	ATTCAGAGTGTAAAGCGAATTCAGTTGGGATGCTCTTAAGTGTCTTAAGACCTG	2072
QY	1750	CATACAGAGAACTTGCTTATTTTACAAAGTCAAGGCGTTAGAGATTAATATG	1809

[illegible]

LOCUS	108083	4451 bp	DNA	linear	PAT 02-DEC-1994
DEFINITION	Sequence 1 from Patent EP 0296870.				
ACCESSION	108083				
VERSION	108083.1	GI:589204			
KEYWORDS	.				
SOURCE	unknown.				
ORGANISM	unknown.				
REFERENCE	Unclassified.				
AUTHORS	1 (bases 1 to 4451)				
TITLE	Ellar,D.J. and Ward,E.S.				
JOURNAL	New toxin-encoding DNA fragments from <i>Bacillus thuringiensis</i>				
FEATURES	subsp. <i>israelensis</i>				
source	Patent: EP 0296870-A1 1 28-DEC-1988;				
	Location/Qualifiers				
	1..4451				
ORIGIN	/organism="unknown"				
	/mol_type="unassigned DNA"				
Query Match	17.2%;	Score 384.6;	DB 6;	Length 4451;	
Best Local Similarity	52.8%;	Pred. NO. 1.1e-42;			
Matches 1178;	Conservative 0;	Mismatches 969;	Indels 82;	Gaps 13;	
QY	12	TAATATATATGAATGAGATTTATTCGATTCGAAAGAAATTTATCTTATCCCTTCTAACAGAA	71		
DB	899	TTATCAAAATATTAATTAATGAATGAAACATTAAAGCTTCACAAAAAAATTAATATATTC	958		
QY	72	TATGATCATTTCTAGATACCCCTTACACAAATATTCAAATCAACCAATTACAAAACAAA	131		
DB	959	TAAATATATATCAAGATATTCAAATAGAAAATATGTCAAAACAAATTAATTACAAAGTACAAA	1018		
QY	132	TTACAAANAGGCGCTCAATATGTCGCAAGGAAATACCAATATGCTATATTTCCGAGC	191		
DB	1019	TTATTAACATTTGGCTCAATATATGTGTCAACAGAAATCAGCATGATGATGAGATTTTGAAC	1078		

QY 192 ATTGCTAGTGTGATGATCAATGCTGAGTATGTCAGATGCTATATGATCCGGTACTCT 251
 Db 1079 TTTTATTGAT-----AGTGGGAATCTGAGCTGATATGATATGATGTTGGGACCGT 1129
 QY 252 GTTAGCCGGTATAGTGGGCTCACTTCTATATCCGAGCCGATGAGATTAATAGTGTCTAT 311
 Db 1130 ACTACTGGT-----TTGGGGTTCAACAACCCCTTAGAGACTTGC 1168
 QY 312 AATAATATCTTTGGTACCTTATCATCTGCTTTTGGCCGGGAGAAACAAGCAAAAC 371
 Db 1169 TTTTATAGTGTGGTACATTAATACAGTCTTTTCCAGCCCAAGACCAATCTTAAC 1228
 QY 372 AGTATGACACAAATTTATTAATAGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAAAC-GAAA 430
 Db 1229 ---ATGGAGTACCTTATTAACAACAACCTAAAATTTTATTAATAAAGAAATAGCATCAC 1285
 QY 431 GCATTAACACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGGATTTAGACAAATTTTACAAAGCTATA 490
 Db 1286 ATATATATAGTATGCTATTAATAATTTTAAACAGTCCGTTATGTTATCAGCACTTATCA 1345
 QY 491 ATACAGCATTAGATGATTGGAGAAATTTAAAAGCTACAGCTCCGATTTACACCAT 550
 Db 1346 TAAATCACTTAAACATGGAGAAATATCCAAACCAAAATATCTCAGATGTAGGA- 1404
 QY 551 CATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAATTAATATGATTTGAGATGTTCACAATG 610
 Db 1405 ---CACAATCCAGTATGTTATTAATCATTTTCAAAATGTGATCCAGAGCTTGTAAACT 1461
 QY 611 ATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACTTAATAAAACGTTATTACTACCTA 670
 Db 1462 CTGTCTCCCTTATCTTATGATTTGC-----GATTAATTAACATTAATTAATTA 1515
 QY 671 TTTTATGCGCAGCTGCTTATTTTCAATTTTAAATTTTAAACAAGTGTCTGAATTTGCTG 730
 Db 1516 GTTATGCAACAGCAAGCAACTTACATCTGATTAATTAATCAAGCCCTCAAAATTTGAA 1575
 QY 731 ATGATGGAATGAGATATATCATCTTCAAAATTTGAACCTAATGCTGGAATCATCAGATG 790
 Db 1576 CGTATTTTAAAAAACAATGACATTTCCATTTTATAGCCCTTGGC---AACGCAATG 1632
 QY 791 ACTATATTAACCTTTTAAAAAATAATATCTTAATATGATTAATGTCATTTGCAATACCT 850
 Db 1633 ATATATATCCAGTATGACTAAGCTATGAGAAATTAACATAATTAATGTAACAATTT 1692
 QY 851 ATAGAGAGGCTAAATTAATCTTGGAACGAACCTTAATATGATGAGATATTTATATG 910
 Db 1693 ATAAAAAAGATTAATTTAATTAATAAAGACGCTGATATGATCTTGGAATTAATA 1752
 QY 911 ATATTCGAAGATATATGACTATTAATCTGATTAATGATTAATGCTCAATTTTCTTTTATG 970
 Db 1753 ACTGGAACACATACATACGATTCGAACAAAATGACATGCTGATTAATGATGTTG 1812
 QY 971 ATATTAAGAGATACAAAGATTCATATGAGAAATGATGCAATTAATAAATGAACTTACAA 1030
 Db 1813 CACTCTTCTTAATATGATGATGATTAATTCCAATGATGTCCAATCTGAACCTTATCTC 1872
 QY 1031 GAGAAATTTATACAACTGAATTAATTTTGACCGCTTACTTACTTGAATTTCAACCCA 1090
 Db 1873 GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAATCTTGAAGAAAGCCCTATTAATAATTTATGAC 1925
 QY 1091 ATTCGCTATTAATGGAATATATTAATTAACAGCTTACGGGCTTAGATTTATTTTCAATTTT 1150
 Db 1926 TTTCAATATCAAGAGATTTCACTTACAGCTAGACCGCATTTTATTTACTTGGCTGATTTCT 1985
 QY 1151 ATGAACTTATATTTTATACAAAAATGAACGTACGGGAATCGTTTATGTTATTTGGA 1210
 Db 1986 TTGAATTTTATGAAAAAGCCCAAACTACTCTTAATATTTTTCACACAGCATTAATAT 2045
 QY 1211 ATTCGAATATGATCTTAT-ATGCTACGACAGAAATGAAATTAATTAATGAGAAAAACA 1269
 Db 2046 ATGTTTATTAACACCTGATTAATTAATCCAAAAATCTAGTGTGTTTGAATTCACAT 2105
 QY 1270 GGTCACCCCAACAAAACTTTAATATACATTTGAAATCTTAATGAATTTCAATGTATACT 1329

Db 2106 GTACTGATTAATTAATTAATCTCTGTTGGCAACAATATTTATTTTATTAAT 2165
 QY 1330 GATAGACAAGTAATCTTACTTCCCTTTTCTTAACATATCTTACATTAATCAAT 1389
 Db 2166 GTCAATAGCTTAAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2225
 QY 1390 GAATTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1449
 Db 2226 TTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2285
 QY 1450 TCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1509
 Db 2286 ACTATGATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2345
 QY 1510 ATTAATCCAAATTTGTTTACCAAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1569
 Db 2346 GAAAACCTTACCTTTTCCAAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2405
 QY 1570 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1629
 Db 2406 AGTCTTATGATCC-----TGCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2450
 QY 1630 GGATGACACACACTAGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1689
 Db 2451 GCTTGACACACCTAGTGTGATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2510
 QY 1690 ATCCAGCAATCAAGGTAACAGCTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1749
 Db 2511 ATTCAGCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2570
 QY 1750 CATCAGAGAGGAATCTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1809
 Db 2571 CATACAGAGGGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2624
 QY 1810 ACTCTAATTTCTACACATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1869
 Db 2625 CACTCAATTTTCAACATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2684
 QY 1870 AATACCTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1929
 Db 2685 AATACCTGAGCTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2741
 QY 1930 CTCAACAACCTTTTCTGAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1989
 Db 2742 CTCAACCCCACTTTTCTGAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2801
 QY 1990 TTTCAATTTCCAGTACAGTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2049
 Db 2802 TTAATTTTCTAAGAGGTAATTTGCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2861
 QY 2050 CGTGCAGATGAT--CAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2106
 Db 2862 CGTTCGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2921
 QY 2107 ACTTCCTGTAAGCCCAAAATTAAGAAACAAAATTAAGAACTAATCAAAACAAAATA 2166
 Db 2922 ACTGTTCTAATTAAGAGAGATGAGAGAAACAAAATTAAGAACTAATCAAAATTAAT 2981
 QY 2167 AATACATTTTCACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2226
 Db 2982 AATACATTTTATGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3041
 QY 2227 ATGATTTA 2235
 Db 3042 ATGATCA 3050

RESULT 7
 109103
 LOCUS 109103 4451 bp DNA linear PAT 02-DEC-1994
 DEFINITION Sequence 1 from Patent WO 8810305.
 ACCESSION 109103

VERSION	109103.1	GI:588188
KEYWORDS	Unknown.	
SOURCE	Unknown.	
ORGANISM	Unclassified.	
REFERENCE	1 (bases 1 to 4451)	
AUTHORS	Ellar,D.J. and Ward,E.S.	
JOURNAL	Patent: WO 8810305-A 1 29-DEC-1988;	
FEATURES	Location/Qualifiers	
source	1..4451	
	/organism="unknown"	
	/mol_type="unassigned DNA"	
ORIGIN		
Query Match	17.2%	Score 394.6; DB 6; Length 4451;
Best Local Similarity	52.8%;	Pred. No. 1.1e-42;
Matches 1178; Conservative	0;	Mismatches 969; Indels 82; Gaps 13;
QY	12	TAAATAATATGAATATGAGATTATTCAGATTCCAAAGATTATCTTATCTTCTTAACAGAA 71
DB	899	TTATCAAAATATAAATGAAATGAAACATTTAAATGCTTACAAAAATTAATATATATTC 958
QY	72	TATTGATCATTCAGATACCTCTTACACAAATATCCAAATCAACCATATACAAAACAAA 131
DB	959	TAAATATATATCAAGATATCCAAATGAAATATGTCAAAACAAATATATACAAATGACAA 1018
QY	132	TTACAAAGATGGCTCAATATATGTCTCAAGGAATACACAAATATGATGTAATTTGAGAC 191
DB	1019	TTATTAAGATTGGCTCAATATATGTCTCAAGGAATACACAAATATGATGTAATTTGAAAC 1078
QY	192	ATTGCTATGTCTGATACAAATTCCTGTCAGTTATGTGACAGTACTATTTGATCCGTAATCT 251
DB	1079	TTTATATATAT-----AGGTGAACTCAGTCCATATCTATTTGATGTTGGACCGT 1129
QY	252	GTTAGCCGGTATAGGTGGGCTCATCTATATCCGACCGATAGGAATATATGAGTCTAT 311
DB	1130	ACTGACTGT-----TTGGGTTTCAACACCCCTTAAGACTTC 1168
QY	312	AATAATATCTTTTGTGACCTCAATCATCTGTCTTTTGGCCGGGAGAACAAACAAAAC 371
DB	1169	TTTATATAGTTTGTGTACATTAATATACAGTCTTTTTCAGCCCAAGCAATCTAACAC 1228
QY	372	AGATGACACAAATTTATTAATGGGAAATTTTGTGTATACCCGTTAAC- GAA 430
DB	1229	---ATGGGTGCTTTTAAACAAACTTAAATTTTAAATAAAGAAATGATCAAC 1285
QY	431	GCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGCAATATTAACAAGCTATA 490
DB	1286	ATATATATAGTATGCTAATTAATTAATTTTAAACAGTGGCTTTAATGTATACGACTTATCA 1345
QY	491	ATACAGCATTAAGATGATGGAGAAATTTAAAGACCTACAAGCTCTGATTTACACCAT 550
DB	1346	TAAATACCTTAAACATGGAGAAATTAATCCAAACCAAAATATCTCAGATGTAAAG- 1404
QY	551	CATCAGCATTAACACAGCTGCTTGAATCTTTAAATACGATTGAGATGTTCAATG 610
DB	1405	---CACAATCCAGCTAGTCAATTCACATTTCAAAATGTCATTCAGAGCTTGTAAC 1461
QY	611	ATTTTATTCGGAATATACCTGCTTTCCAACTTGAACCTTATTAACGCTATTAATCACTA 670
DB	1462	CTTGCTCTCTAATCTTATGATATTC-----GATTAATTAATCACTTATTAATTAATCTA 1515
QY	671	TTTATGGCAAGCTCTAATTTTCATTTAAATTTTATTAACAAGAGTCTGAATTTGGCTG 730
DB	1516	GTTATGCAACAGCAACCTTACATCTGACGTATTTAAATCAAGCCGTCAAAATTTGAG 1575
QY	731	ATGAATGGAATGACATATACATCTTCACAAAATGAACTTAATGCTGGAACATCAGATG 790
DB	1576	CGATATTTAAACATCGACAAATTCGATTTATTTAGAGCTTTTGGC---AACAGAAATG 1632
QY	791	ACTATTAATTAATCTTTAAAGAAATATATACCTAATATATAGTATATATGTGCAATATCT 850
DB	1633	ATTATATATCCAGTATTTGACTAAAGCTATTAAGAGATTTACATTAATTTGTGTAAACATTT 1692

QY	851	ATATGAGGAGCTTAAATTAACCTTGGAAACGAACTTAATATGAGATGAGTATATTTATG	910
Db	1693	ATTAATAAAGGATTAAATTTATTAATAAACGACCGCTGATAGTATCTTGATGGAATATTA	1752
QY	911	ATTATCGAAGTATATGACTATTACTGTATTTAGATAGTATATGCTCAATTTTCTTTTATG	970
Db	1753	ACTGGAACACATACAAATACGATATCGAACAAATAATGACTACTGCTGATATATGATGTGTG	1812
QY	971	ATATTAAGAGATCAAAAGATTCAATAGAGAAATAGTGGCATTTAAACTGAACTTACAA	1030
Db	1813	CACCTTTTCCTAATTATGATGTAGTAAATATCCAAATAGGTGTCCAAATCTGAACTTACTC	1872
QY	1031	GAGAAATTTATACAACTGAAATTAATTTTGACCGCTTTACTTTACTCTTGAATTCACCCCA	1090
Db	1873	GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTATCTTGAAAGAAAGCCCTTAAATATATTAAGAC	1925
QY	1091	ATCTCGTATATATGAAATATTAATTTAAACAGCTTACAGGGCTTAGATTAATTTTCATTTT	1150
Db	1926	TTTCATATATCAAGAGATTCCTTACACGATGACCGCATTTATTTAATCTTGCTGATTTCT	1985
QY	1151	ATGAACCTTATTTTATATACAAAAATGAAACGTACGGAAATCGTTTAGTGTATTCGA	1210
Db	1986	TTGAATTTTATATGAAAAAGCGCAACATCTCTATATATTTTTCACACGCATTAATAT	2045
QY	1211	ATCGTAATATGATCTACTT-ATGCTACGACAGGAACGTGAATTTATATATGGAAGAACA	1269
Db	2046	ATGTTTCAATACACACTTGATATATATCCAAAAATCTAGTGTTTTGGAAATCACAAAT	2105
QY	1270	GGTCCACCCACAAACAAACCTTATATACATTTGAATCTATATAAGTTTCAATTTGTAAT	1329
Db	2106	GTAACGTATTAATTAATAATCTCTTGTTGGCAAAATATTTATTTTATTTTATTAAT	2165
QY	1330	GATAGACAAGTAATCTCTACTTCCCCCTTTCTTACATATATCTTACAATTAATCAAT	1389
Db	2166	GTCAATAGCTTAGTAATTAATATATCAAAATGATTTATATATATTTAGTAATAGATTTT	2225
QY	1390	GAACCTTATTTAAATTAATTAATCACTAGTAATTAATTAACATATCAGCTGGGGGAATTTA	1449
Db	2226	TTTATATCTATATGTTACTAGCTTTTGGAGAAAGAACTTACAGAGATCTGGGCATAAT	2285
QY	1450	TCTATATGATAAAAAACAATGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACGTGAACAATT	1509
Db	2286	ACTTATATGATGAATTAATAAATATTTTGGGTTACCAATTTCTTAACGAAGAGATCA	2345
QY	1510	ATTATATCCAAATTTGTTTACCAAGTATATATATGTATATTTATATCCAGTTTCT	1565
Db	2346	GGAACCCCTTACCTTTTCCAAATATGATATACATATGTCAATTTTATATTAATA	2405
QY	1570	TTATTTATATTTTCTTAAATATGATATGCGCTAAATATATATATATATACAGTGCATTA	1629
Db	2406	AGTCTTAGTATCCC-----TGCAACATATTAACCTCAAGTATATACGTTT	2455
QY	1630	GGATGACACACAGTAGTGTATATAGAAATATGCAATATCAGATTAATAATTAATACATG	1689
Db	2451	GCTTGGACACACTCTAGTGTGATCTTAATAAATATCAATTTATATACACTTTAATACCCA	2510
QY	1680	ATCCACGAATCAAAAGGTAACAGTCTTGATATCAAACTTAAGTATATGGAAGACCTGCT	1749
Db	2511	ATTCCAGCTGAATAAGGAATTCACCTGGGACGCTCTTAAGTGTGTTCAAGGACCTGCT	2570
QY	1750	CATACAGGAGAAACTTGTTTATTTTCAAAAGTCAGAGGCGTTTAGAGATATACATGTAGA	1809
Db	2571	CATACAGGAGGGGATTTATATGATTTCCAAATGCA-----TTTCAAAATTAATCATGTCA	2624
QY	1810	ACTCTTAATTCACACAATCTTATTAACATTAAGACTTGATACGCTTACAAATGTGTCTGA	1869
Db	2625	CATCAAAATTTTCAACATCGTATTTTATTAAGAAATGTGTATGCTCAAAATGAAGCGCA	2684
QY	1870	AATATCTTCTCTATATATCTCTTACATATACAGAGATTAATAGAAATATCCACTCAACGA	1929
Db	2685	AATATCTGAGCTGTATTAATAATCTTATAGTATCCCAAGGG--TAGCAAGACGTGGGTATGGCA	2741

Qy	115	ATGACCTTATATTTTATACAAAATAAAGAAAGCGATGGGAAATCGTTATGTGGTATGGG	121
Db	2464	TTGATTTTATATGAAAAGCGAAACTCTCTAATTAATTTTTCACAGCCATATATAT	2523
Qy	1211	ATCGTAATATGATCTACTT-ATGCTACGACGAGACTGAATATATATATGAGAAAGACA	1269
Db	2524	ATGTTTCATTAACACCTTGATATATATATATCCAAAATATCTAGTGTTTTGGAAATACAAAT	2583
Qy	1270	GGTCCACCCACACAAAACCTTAAATACATTTGAATCTGATTAAGTTCAATTGTAATCT	1329
Db	2584	GTAACTGATTAATTAATAATCTCTGGTTTGGCAACAATAATTTAATTTTATTTAAT	2643
Qy	1330	GATAGCAGATGACTCTCTCTCCCTTTTCTTACATATATCTTATGCAATTAATCAAT	1389
Db	2644	GTCTATAGCTTGATATATTAATTAATCTAAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2703
Qy	1390	GAACTTATTTAAATTAATTAATCACCCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1449
Db	2704	TTTATTAATCAAT	2762
Qy	1450	TCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1509
Db	2764	ACTTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2823
Qy	1510	ATTAATCAAAATTTGTTTACAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1566
Db	2824	GGAAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2883
Qy	1570	TTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1629
Db	2884	AGCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2928
Qy	1630	GGATGACACACAGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1689
Db	2929	GCCTGACACACCTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2988
Qy	1690	ATCCGAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1749
Db	2989	ATTCGAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3048
Qy	1750	CATACGAGGAAATTTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1809
Db	3049	CATACGAGGAAATTTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3102
Qy	1810	ACTCTAATTTCAACAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1863
Db	3103	CACCTAATTTTCAACAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3162
Qy	1870	AATACCTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1922
Db	3163	AATACCTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3219
Qy	1930	CTCAACAACACTTTTCTGTTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1989
Db	3220	CTCAACAACACTTTTCTGTTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3279
Qy	1990	TTTCAATTTCAAGTACAGTAACTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2048
Db	3280	TTAGATTTTCTAAGAGGTGAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTCTGTGTTAAT	3333
Qy	2050	CGTGCAGATGAT--CAATTCATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2106
Db	3340	CGTTCGAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3399
Qy	2107	ACTTCTCTGTCGCAAAATTAAGAAAACAAAATTAAGAACTATCCAAACAAAATTAAT	2166
Db	3400	ACTCGTTCTAATTAAGAGATTAAGAAAACAAAATTAAGAACTATCCAAACAAAATTAAT	3455
Qy	2167	AATACATTTTTCACAAATCATACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2222
Db	3460	AATACATTTTTCACAAATCATACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3519
Qy	2227	ATTGATTA 2235	

Db	3520	ATGATCA	3528
RESULT 9			
LOCUS	BTPTOXIS	127923 bp	DNA linear BCT 16-APR-2005
DEFINITION	Bacillus thuringiensis subsp. israelensis plasmid pBtoxis.		
ACCESSION	AL731825		
VERSION	AL731825.1	GI:21685410	
KEYWORDS			
SOURCE			
ORGANISM	Bacillus thuringiensis serovar israelensis Bacillus thuringiensis serovar israelensis Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.		
REFERENCE	1 (bases 1 to 127923) Berry,C., O'Neill,S., Ben-Dov,E., Jones,A.F., Murphy,L., Quail,M.A., Holden,M.T., Harris,D., Zaritsky,A. and Parkhill,J. Complete sequence and organization of pBtoxis, the toxin-coding plasmid of Bacillus thuringiensis subsp. israelensis Appl. Environ. Microbiol. 68 (10), 5082-5095 (2002)		
TITLE	2 (bases 1 to 127923) Parkhill,J.		
JOURNAL	Direct Submission Submitted (19-APR-2002) Submitted on behalf of the pBtoxis sequencing team, Sanger Centre, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridge CB10 1SA E-mail: parkhill@sanger.ac.uk		
REFERENCE	Notes: Details of pBtoxis sequencing at the Sanger Centre are available on the World Wide Web. (URL, http://www.sanger.ac.uk/Projects/B_thuringiensis/).		
AUTHORS			
TITLE			
JOURNAL			
COMMENT			
FEATURES			
source	Location/Qualifiers 1..127923 /organism="Bacillus thuringiensis serovar israelensis" /mol_type="genomic DNA" /db_xref="taxon:1430" /note="plasmid pBtoxis" 1145..1149 1163..2089 /gene="pBc001" 1163..2089 /gene="pBc001" /note="Similar in part to Bacillus anthracis pXOI-49 TR:09X319 (EMBL:AF065404) (227 aa) fasta scores: E(): 8.9e-44, 78.48% id in 158 aa" /codon_start=1 /transl_table=1 /protein_id="CAD30064.1" /db_xref="GI:21685411" /db_xref="UniProt/TREMBL:O8KXN5" /translation="MSTHLNFSQONFVHGKVFPGDGLFNIIKLENERKEKPSALATYIMARENDICGLPREFQINDLAQKSGIPYTTVYGVQNLKRLVKEIPVGRVYEVIVDALNHTAETDMDINISLSYFRPLPIQTTILSSLYKARDNGRMITLLIELINTFSRQIGEHYKHKIIDEFTIRKMAFLKELKRNRAKVRQYETVKPLKFAVLDKDKSSSERIRVRRVQOVVIEKFNFISSNCYIENDKELHNPIDAKCKEAVSRDKHWGQALRKDKENIMTAFRQRIIVDIEIYLPYKOKN" 2246..3106 /note="IS240" complement(2246..2262) /rpt_type=INVERTED 2337..3044 /gene="pBc003" 2337..3044 /gene="pBc003" /note="pBc003" /note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element IS240-a protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta scores: E(): 2.2e-92, 99.57% id in 235 aa, and to Mycobacterium fortuitum, transposase tmp tnp6100 TR:Q49185 (EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E(): 1.4e-37, 48.05% id in 231 aa" /codon_start=1 /transl_table=1		
RBS			
gene			
CDS			
repeat_unit			
repeat_unit			
gene			
CDS			

/product="insertion element IS240 protein"
/protein_id="CAD30065.1"
/db_xref="GI:21685412"
/db_xref="GOA:O8KNX4"
/db_xref="InterPro:IPR001584"
/translation="MEKENIFPKMHGYQADMTLTVRWYLRYNLSFRLVEMMERGLS
LSHTITMHWQIQPELNERIRKHLKRTNDSRVDETYIKIGENMYLVAVSGGT
LDPIYSKRDKAAKCFPLKALASFHYATKPEVTVDNKAYPVAIRELNKEKSIPLYGM
PLRVKYKNNMIEDHRIKKRIRNMGLKSMQTAVNMAGIEAMHVKKGOLKLRAQ
SAQNONRCIHOLFILTA"
2538 , 2933

misc_feature
/gene="PBt003"
/note="HmMPfam hit to PF00665, Integrase core domain"
3090 , 3106
/rpt_type=INVERTED
3521 , 4381
/note="IS240"
complement(3521..3535)
/rpt_type=INVERTED
3612 , 4319
/gene="PBt004"
3612 , 4319
/gene="PBt004"
/note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element
IS240-a protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta
scores: E(): 3.5e-91, 99.14% id in 235 aa, and to
Mycobacterium fortuitum, tdsapase tnpA or tnp6100
TR:Q49185 (EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E():
1.1e-37, 48.05% id in 231 aa"
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="insertion element IS240 protein"
/protein_id="CAD30066.1"
/db_xref="GI:21685413"
/db_xref="GOA:O8KH55"
/db_xref="InterPro:IPR001584"
/db_xref="UniProt/TREMBL:Q8KH55"
/translation="MEKENIFPKMHGYQADMTLTVRWYLRYNLSFRLVEMMERGLS
LSHTITMHWQIQPELNERIRKHLKRTNDSRVDETYIKIGENMYLVAVSGGT
LDPIYSKRDKAAKCFPLKALASFHYATKPEVTVDNKAYPVAIRELNKEKSIPLYGM
PLRVKYKNNMIEDHRIKKRIRNMGLKSMQTAVNMAGIEAMHVKKGOLKLRAQ
SAQNONRCIHOLFILTA"
3813 , 4208

misc_feature
/gene="PBt004"
/note="HmMPfam hit to PF00665, Integrase core domain"
4365 , 4381
/rpt_type=INVERTED
complement(4634..5275)
/gene="PBt005"
complement(4634..5275)
/gene="PBt005"

gene
/note="Similar to N-terminus of Bacillus anthracis pxiol-18
TR:GX229 (EMBL:AF065404) (315 aa) fasta scores: E():
4.2e-56, 84.15% id in 183 aa, and to Bacillus halodurans
Bd3634 protein TR:Q9KAC5 (EMBL:AP001515) (378 aa) fasta
scores: E(): 1.6e-18, 35.45% id in 189 aa, and weakly to
Lactobacillus delbrueckii integrase/recombinase orf2
TR:Q48558 (EMBL:Z50864) (333 aa) fasta scores: E(): 6.3,
28.88% id in 90 aa, and to Bacillus thuringiensis
resolvase tnpI SW:TNRI BACTU (P10020) (284 aa) fasta
scores: E(): 8.5, 23.88% id in 180 aa"
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="Integrase/recombinase family protein"
/protein_id="CAD30067.1"
/db_xref="GI:21685414"
/db_xref="GOA:O8KNX3"
/db_xref="InterPro:IPR004107"
/db_xref="UniProt/TREMBL:Q8KNX3"
/translation="MSKNIINLEETLAASAILIKGRKOSTITRYAVIDIDFYKMLRA
NKKLLTWSWLSSEADYQTFSELEDKRSQSOTRRRIIVWLAKMFCLVPSDGG
INTSLIPQSDIANDNPITEMEERKLKQTVLSTKGITRQAQYRPLINDRNVCIIINV

	misc_feature	NVSLSTQELVSLSNMSHINAPRNWCVKKIDPLNRILFVKOLEIYAFHRISF"
		/complement(4985..5251)
		/gene="pbC005"
	RBS	/note="HMWPFam hit to PF02899, Phage integrase, N-terminal SAM-like domain"
	gene	/complement(5283..5286)
		/complement(5364..5507)
	CDS	/gene="pbC006"
		/complement(5364..5507)
		/gene="pbC006"
		/note:"Similar to Bacillus anthracis pXol-17 TR:O9XZY8 (EMBL:AF065404) (47 aa) fasta scores: E(): 2.1e-12, 68.0%
		id in 47 aa"
		/codon_start=1
		/transl_table=11
		/product="putative integral membrane protein"
		/protein_id="CAD30068.1"
		/db_xref="GI:21685415"
		/db_xref="UniProt/TREMBL:O8KRX2"
		/translation="MAVLKDSNYIEMTNTNEIGFPKGIFGLIFVVPFWSIMATFIW LCK"
	misc_feature	/complement(5370..5435)
		/gene="pbT006"
		/note="1 probable transmembrane helix predicted for pbT006 by TMHMM2.0"
	RBS	/complement(5515..5519)
	gene	/complement(6451..8160)
		/gene="pbT007"
	CDS	/complement(6451..8160)
		/gene="pbC007"
		/note:"Similar to Bacillus anthracis pXol-16 TR:O9XZY7 (EMBL:AF065404) (569 aa) fasta scores: E(): 0.96.1% id in 569 aa, and to Bacillus thuringiensis pXol orf16-like protein TR:CAC50562 (EMBL:AJ96638) (310 aa) fasta scores: E(): 6.5e-122, 99.6% id in 310 aa"
		/codon_start=1
		/transl_table=11
		/product="conserved hypothetical protein"
		/protein_id="CAD30069.1"
		/db_xref="GI:21685416"
		/db_xref="UniProt/TREMBL:O8KRX1"
		/translation="WGKSFTIQORSLNKTKTNAAVVTLKSNQKFAVAFEERYKYKD FYLEDLIQHTMYEERLADVEGPEKAPSPFSRANSTAEKGRKKLAGITNADLEV FLIAHKCEFNQVIPIAVTIHHMEDYKQKEBPAYIOHSQFYALKLNAMHIISTEN GLGRGTIKLTLMNEETEKAMPYVISIVIFPKDFKLISAQLFLDIAQOHRET TLRSIKDKDERNGKTGPMGYMRFLFKKYPHOIRAVIELTTALPCTGNLPKRICMO KCVKTRRTTYTLYLSIHSDPLSCSKAGEGECHDDPPRPKATYARKAKFIYAQBNAG ELSDANNKFLHVLTQYTCRHQISVRIGLDMDWRKGVPTKVITLKLLHOTSOYL LDPAADKNKFLVLAQHIKPERNSDRQAQVNFNGHLHSMYSLNIIRKMFNVNALOK FAVPTESYRYNLKYQESETLFKRYAQOGVNLAHYIALSEIMEKLVRGHKERTI PSVRVFMEFLAIDKLPQEKRLVLELPKQNLLBFWMTFRVLRAVGVTIYAPQVLAHAM EIR"
	RBS	/complement(8168..8173)
	RBS	8947..8951
	gene	8959..10653
		/gene="pbT009"
	CDS	8959..10653
		/gene="pbC009"
		/note:"Similar to Bacillus anthracis pXol-14 TR:O9XZY5 (EMBL:AF065404) (564 aa) fasta scores: E(): 1.6e-191,
Query Match	17.2%; Score 384.6; DB 1; Length 127923;	
Best Local Similarity	52.8%; Pred. No.2.8e-43;	
Matches 1178; Conservative	0; Mismatches 969; Indels 82; Gaps 13;	
Oy	12 TAAATAATGAATATGAGATTATGCATTCAGAAATTAATCTTACTCTTAACGAAA 71	
Dd	TTATCAAAAAATAAAATGAAATATGAAACATTAATGCTCTCCAAAAAAATTAATATATTC 96463	
Oy	72 TATTGATCATTCAGATACCCTTACCAAATTAATCCAATTCACATTCCTCAAAAACGCAA 131	
Dd	TAAATAATTAACAAGATATCCATAGAAAATAGTCCAAAAACATTTATTAACAAAGTACAAA 96460	

Qy	13	TTACAAAGAGGGCGCATATGTGTCAGGGAAATACAAATATGGGTAAATTCGAGAC	191
Db	96400	TTATPAAAGATTGGCTCAATATGTGTCAACAGATACGATATGGTGTGGAGATTTTGAAC	963411
Qy	192	ATTTCAGTGCCTGATACAAATTCGTGCGAGTTAGTGCAGGTACTATTTGATCCGTACTCT	251
Db	96340	TTTTATTGAT-----AGTGGAACTCAGTCCCTATACTATTGTATGTTGGGACCGT	96290
Qy	252	GTTTACCCGGTATAGTGGGCTCACTTATATCCGAGCCGATAGAAATATATGTGCTAT	311
Db	96289	ACTACTCGGT-----TTCCGGTTCACAAACCCCTTAGGACTTGC	96251
Qy	312	AATATATATCTTTGGTACCTTAATACATGTCCTTTTGGCCCGGGAGAACAAAGAAAC	371
Db	96250	TTTATATGGTTTGGTACATTAATACAGTTCCTTTTCCAGCCCAAGACCAATCTAACAC	96191
Qy	372	AGATATGACACAAATTTATTAATAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACGGTTACA-GAA	430
Db	96190	---ATGAGGTGACTTTATPACAAACCTPAAATATTTATPAAAAAAGAAATATGATCAAC	96134
Qy	431	GCATPAAACAGCTPAAAGTTACAACTTTAGAAAGATTAGCAAAATTTACAAAGCTATA	490
Db	96133	ATATATATATGATATGCTAATTAATAATTTTAAACAGTGCCTTATATGTTATCAGCACTTATCA	96074
Qy	491	ATATACGACTTATGATTTGAGAAATPAAAAAGCTACAAAGCTCCTGATTAACACAT	550
Db	96073	TATATCACTTTAAACATGGAGAAATPAAATTCAAACCAAAATATCTCAGAGATGATAGA-	96015
Qy	551	CATCAGCACTTACAAACAACTGCTGCTGACTCTPAAATATAGATTGATGATTCACAAATG	610
Db	96014	---CACAAATCAGTACTTCACTTACATTTTCAAAATGTCACTTCAAGCTTGTAACT	95958
Qy	611	ATTTTATTCGAATAATACCTGTTTCCAACTTGAACTTATPAAACGCTATTTACTACTA	670
Db	95957	CTTGTCCTTCCTAATCCTAGTGTATGC-----GATTACTATPAACTACTAGATTATCTA	95904
Qy	671	TTTATGGCAGAGCTGCTAATTTTCACTTAAATTTTATPACAAAGTGTGTAATGGCTG	730
Db	95903	GTTATGCAACAGCGCAAACTTACATCTGACTGTATTAATCAACCCGCAAAATTTGAG	95844
Qy	731	ATGATATGGAATGAGATATACATCCTTCCAAATTTGAACCTATCTGGAAATCAGATG	790
Db	95843	CGTATTTTAAAAACAATGACAAATTCGATATTTAGAGCTTTGGC---AARAGCAATG	95787
Qy	791	ACTATATPAACTTTTAAAGAAAATATACCTAAATATATAGTACTATGTGTGCAAAATACCT	850
Db	95786	ATTATATATCCAGTATTTGACTAAAGCTATAGAAAGTTACACTAATATTTGTATCAACTT	95727
Qy	851	ATAGAGAAAGACTAATAATTAATCTGCAAAAGAACTTATATGATGAGATATATTAATG	910
Db	95726	ATPAAAAAAGATTAATTAATTAATAAAGACCGCTGATAGTATCTTGATGAAATATATA	95667
Qy	911	ATTATCGAAGATATATGACTATTAATGATTAATGATATGCTCAATTTTCTTTTATAG	970
Db	95666	ACTGGAACACATACATACGTATCGAACAATAATGACTATCTGTATTTAGTCTTTGTTG	95607
Qy	971	ATATPAAAGATACAAAGATTCATATGAAAGAAATAGTGCATTTAAAATGCAACTTACAA	1030
Db	95606	CAGCTTTCTCTAATATATATGATGATAATATCAATATAGTGTCCAAATCTGAACCTTAC	9547
Qy	1031	GAGAAATTTATPACAACTGAATTAATTTTGAACCGTCTTACTTACTGTAATTTCAACCA	1090
Db	95546	GAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAACTTCGAAGAAAGCCCTATPAAATATATGAC	95494
Qy	1091	ATTCGCTATATGGAATATATATTAACAAGTTCAGGGCTTATGATTTATTTTCAATTTTATG	1150
Db	95493	TTTCAATATCAAGAGATTTCACTTACAGTGAACCGCATTTTATTTTACTGTGGCTTGATCT	95434
Qy	1151	ATGAACCTATATTTTATPACAAAAATGAAACCTACGGGAATGTTAGTTGTATTTGCGA	1210
Db	95433	TTGATATTTTATGAAAAAGCGGAACCTCTCTAATTAATTTTTCACACGCAATTATAT	95374
Qy	1211	ATCGTATATGATCTACTT-ATGCTACGACAGGAACCTGAATTAATATATGAGAAAAAGACA	1269

Db	95373	ATGTTTATTATTCACAGCTGTGATTAATATATCCAAAATAATCTAGTGTTTTGGAAATCAGAAAT	95314
Qy	1270	GGTCACCCCAACAACAAAACCTTTAATACATTTGAAATCCTATTAAGTTTCAATGTGACT	1329
Db	95313	GTAACTGATTAATTAATAATCTCTGGTTGGCAACAATATTTAATATTTTATTTATTAATAT	95254
Qy	1330	GATAGACAAAGTAACCTCTACTATCCCTCTTTTCCATACATATATCTTACATTAATCAAAAT	1389
Db	95253	GTCATTAAGCTTGAATATAATTAATATCTAAATGATTAATATAATATATGTAATAATGATTTT	95194
Qy	1390	GAACCTTAATTAATAATATCACCTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTTA	1449
Db	95193	TTTATTAATTAATGTACTAGACTTTTGGAGAAAGAACTTACAGCAGAAATCTGGGCAAAAT	95133
Qy	1450	TCTAATGATTAATAAAAAACAACGTATTTCAATTTCTGTAAAAAAGACGTAAACCAATT	1509
Db	95133	ACTATGATGTAATTAATAATAATTTTCGGGTATCAAAATCTTAAACGAAGAGAAATCA	95074
Qy	1510	ATTATATCAAAATGTTTACCAACTTAATATAGTAAATAGTCATATTTTAATCCAGTTTCT	1569
Db	95073	GGAACCCCTACCCCTTTTCCAAATATGAAATACATAATGTCATATTTTATCATTATTTAA	95014
Qy	1570	TTATTTATTAATTCCTATAAATAATGATTAAGCCCTAAATATATATATCAGGTGATTA	1629
Db	95013	AGCTTTGATATCC-----TGCAACATATTAACCTGAAGTATATGTTT	94964
Qy	1630	GGATGACACACAGTAGTGTAAATAGAAATATATGCAATATCAGATTAATAATTAACATG	1689
Db	94968	GCTTGGACACATCTAGTGTGATCTTAAAAAATACATTTATATACATTTTAATCAACCA	94908
Qy	1690	ATCCAGACATCAAAAGGTACATCTGTGATACAAACCTAAAGTATTTGAAGACCTGAT	1749
Db	94908	ATTCCACTGTAAAGGAATTCACATGGACCTGCTTCTAAGGTGTTCAGAGACCTGAT	94849
Qy	1750	CATACAGAGAAACTGTGTATTTTAAACAAGTCAAGGGCGTTTGAAGTATCATGTAGA	1809
Db	94848	CATACAGAGAGGATTTAATGATTTCAAAAGATCA-----TTTCAAAATATCATGTCA	94799
Qy	1810	ACTCTTAATTCACACATCTTATTAATTAATGACCTTGAATGACCTTCAAAATGGTGTGTA	1869
Db	94794	CACCTCAATTTTCAACAATCGTATTTTATTAAGAAATCGTATATGCTTCAATGGAGACGCA	94734
Qy	1870	AATATCTTCTTAATATATCTCTTACAAATACAGAGTAAATGGAATACCACTCAACA	1929
Db	94734	AATATCTGAGCTGTAAATAATCTTAGATCCCAAGGG--TACCAAACTGGGTATGCA	94674
Qy	1930	CTCAACAACACTTTTCTGTGTACAAATTAATTAATTTTCAATACAGAGATTTTGGGTAT	1989
Db	94677	CTCAACCCCACTTTTCTGTGTACAGATTAACGAATTTAAAAATTAAGATTTTCAGTAC	94618
Qy	1990	TTCCAAATTCGAAGTACATTAACCTTAAATCGAATGAAACATACATTTATATTTAAT	2049
Db	94617	TTAGAATTTTCTAACGAGGTGAATTTGCTCAAAATCAAAATATCTCTGTGGTTAAT	94558
Qy	2050	CGTGCAGATGAT---CAATTTCAATTTTAATCATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2106
Db	94557	CGTTGAGATGATTAATAACAAACAGTACTTAATGATTAATAATTAATTTCTGCCAATT	94498
Qy	2107	ACTTCCCTGTGAGCCAAATATAGAGAAAAACAATAATTAAGAACTATCCAAACAATAAT	2166
Db	94497	ACTGTTCTATAGAGAGGATAGAGAAACAAAAATTAAGAAACATACACAAATTAAT	94433
Qy	2167	AATACATTTTTCACAAATCATACAAAAAATATCTTTAATATAGAACCAACAACTATGAT	2226
Db	94437	AATACATTTTATGCAATCTTATTAATAAAACAATTTCAATCAGAACTTACAGATTAATGAC	94378
Qy	2227	ATTGATTTAA 2235	
Db	94377	ATTAGATCAA 94369	

RESULT 10

RESULT 10


```

Db      40220 CGGTTCATGAAATTAATTTCTCAGACACATCCAAAGTAATTCCTTTATATAGAAACA 40279
Qy      1334 GACAAGTAACCTCACTCCCTTTCTCTAATATATCTTAACTTAATCAATTAATGAC 1393
Db      40280 AACCTATGATAGAGTGAATTTGTCAGACATAGAGTACTCTGATTAATTAATATAGAAA 40339
Qy      1394 TTTATTTAAATTAATTCACCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1453
Db      40340 TGAATTTTATTTTTCGAATAGAGTGAATTAATTTTCATATCTTCAATTCATCAATAGAAA 40399
Qy      1454 ATGATAAAAAACAATGATTTTCAATTTCTCTGTAATAAAAAAGCTTAACCAATTAATTA 1513
Db      40400 ATAAATTTAAAGAAAGTATCTTATATGATTTCCAAAACAACATGAAATTAAGAT 40459
Qy      1514 ATCCAAATGTTTTCACCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1573
Db      40460 ATGCTCAATCTCTATCTGTAATTAATAAACTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 40505
Qy      1574 TTAATTAATCTTAATAAATGATTAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 40540
Db      40506 -----AGTATTAAGAAAGAAAGAGAGTTCATTTAGTT 40540
Qy      1634 GGACACACAGTAGTGTATTAATGAATAATTAATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1693
Db      40541 GGACACATACATAGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 40600
Qy      1694 CAGCAATCAAGGTAACAGTCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1753
Db      40601 ACGCTTAATAAGCTTTGAGGTAAGTCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 40660
Qy      1754 CAGGAGGAACTGTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1813
Db      40661 CAGGTGAGACTGTGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 40720
Qy      1814 CTAAATTCACCAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1873
Db      40721 ATGTTTCTGACAA--TATCAAGTACGATTTTCGTTATGCTACTAATGCTCCAAAGCAA 40777
Qy      1874 CTCTTCTTAATATCTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1933
Db      40778 CAGTA--TTCTTAACCGGAATAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 40835
Qy      1934 ACAACACTTTTGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1993
Db      40836 CCAAAAC-----CCAATGCTACAGATTTTAACATAGCAGATTTGATATGTA 40885
Qy      1994 AATTCCAAAGTACAGT-----AACATTACCTTTAAATGAAACATACATTTATAT 2044
Db      40886 CATTTCCAAAGAGTTCCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 40945
Qy      2045 TTAATCGTGAATGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2104
Db      40946 TATATGTAACCAATCAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 41005
Qy      2105 TTACTTCTCTGTACGCAAAATTAAGAAACAAATTAAGAAACAAATTAAGAAACAAATTAAGAAACAA 2164
Db      41006 TCACCTCAATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 41065
Qy      2165 TAAATACATTTTTCACCAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2210
Db      41066 TGAATGATTTTATTTGTTATTAATAAACAAGTCTTACTAAATTAAGA 41111

```

```

RESULT 11
BTH251977 6009 bp DNA linear BCT 22-DEC-2001
LOCUS Bacillus thuringiensis subsp. medellin cry29a gene for Cry29aA
DEFINITION protein.
ACCESSION AU251977
VERSION AU251977.1 GI:17977978
KEYWORDS cry29a gene; Cry29aA protein.
SOURCE Bacillus thuringiensis serovar medellin
ORGANISM Bacillus thuringiensis serovar medellin

```

```

REFERENCE
AUTHORS Delecluse, A. and Oudiz, S.
TITLE Characterization of two new mosquitocidal toxins, Cry29a and Cry30A, from Bacillus thuringiensis medellin
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 6009)
AUTHORS Delecluse, A.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (22-DEC-1999) Delecluse A., Bacteries & Champignons Entomopathogenes, Institut Pasteur, 25, rue du Dr Roux, 75724 Paris Cedex 15, FRANCE
FEATURES
source location/Qualifiers
1..6009
/organism="Bacillus thuringiensis serovar medellin"
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="163-131"
/sub_species="medellin"
/db_xref="taxon:79672"
/country="Colombia"
642..2594
/gene="Cry29aA"
642..2594
/gene="Cry29aA"
/function="putative mosquitocidal toxin"
/codon_start=1
/evidence=experimental
/transl_table=1
/product="Cry29aA protein"
/protein_id="CAC80985.1"
/db_xref="GI:17977978"
/db_xref="GOA:O8VNX2"
/db_xref="UniProt/TREMBL:O8VNX2"
/transl_table=1
/translation="MNSFQKNEEILNAPSISINIPNNYSKPIANTINQTMONTY
KDMTMCADINLKSINPFPANLONSLVGFATPAALSLAPITGTSIAAGTALA
AIIPIILPQSENNLDPKLAISBATLSPDODRVRDALTRLESIDSVKYPENAPF
FWINPNSTTTTTRRFRQEVNRFVSNAPFPAKRYEPIILSTYDAARLHLHLD
GITYAEKWNLSRQDDMBGDLTKERFKYCNBYIHCITKYNLSLSLKSAGAWLEI
NOYRFLTASVLDTLSFSSYDPLRYERLSVBLTKLYTDPIINRGISLEADESK
YTPLEPTFQLYLTLPYSNIFFVNYMGHTNRYRYSPIKIPAEBSFGSSYIDEPVI
PNDSIYIKIRAYDNHNGLFNWMYFGWDEKQDIKIIIGSSFEIYIKNTHLAVY
ISHLDKRNKCVSPAWSTSLISLENIKNIIIOIPAVKAYVQGVOSQVIRKPGHTG
DLINKSNDLRISQGLSNVTYKYPRIKRYATGSLNTRPIITTPGHTPGQWVD
NTSGISYSLNLETQNGFKELKELVNLNPOSISLTINRSDONSNTLIDRIEFLPI
TPSIRKSEQNEQNKQTVNKLFPN"
ORIGIN
Query Match 9.9%; Score 221.8; DB 1; Length 6009;
Best Local Similarity 65.2%; Pred. No. 7e-21;
Matches 376; Conservative 0; Mismatches 192; Indels 9; Gaps 3;
1623 TGCAATGATGACACAGTAGTGTAAATAGAAATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1682
2027 TTTCTTTCAGATGACATCTACTCAATTTCTCTGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2086
1683 TACAATGATCCAGCAATCAAAAGGTAAAGCTTTGATTAACAACTCTAAGTAATGAAG 1742
2087 CACACAATCCCTGCTGTAAGGCTTCAATTAAGTGTGATCAACAAGATTAAGTAAGTAAGTAAGTAAG 2146
1743 ACCGTGCTATACAGAGAACTTGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1802
2147 TCCAGTCAATACGTGTGAGACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2206
1803 ATGTAGA---ACTCTAATTTACACATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1859
2207 ATGTCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2266
1860 TGGTGTGGAATTAATCTTCTTAATTAATCTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1919
2267 TGGTTCCTTAATTAATCTAAGCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2323
1920 ACCTCACAGACTCAACAACCTTTCTGTGTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1979

```

Db	2324	AGGATGCTACTGATATATCTTTCTGTCAGGTTAAGCAATTAGAAATTCAAAA	2383
Qy	1980	TTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAATGACATGACATTCCTTAAATGGAACATACCAT	2039
Db	2384	TTTTGGCTATTAAGAAATTTCTTAAGAGAGTACATTTAAATCAATCAAAATATATCTCT	2443
Qy	2040	TATATTAATTCGTGACAGATGA---TCAAATTCATTTTAATCATTTGATTAATTTGAAT	2096
Db	2444	TACATTAATTCGTCTGATCAAAATTCAAATTCATTTTACTCTTGATTAATTTGAAT	2503
Qy	2097	TATACCAATTAATCTTCTCTGTCAGCCAAATAGGAAAAAATAAATTTAGAACTATCCA	2156
Db	2504	TCACCAATTAATCTCTCTGTCAGCAAAAGTAAAGAAACAATAATTTAGAAAAAATCA	2563
Qy	2157	ACAAAATTAATTAATCATTTTTCACAAATCATACAAA	2193
Db	2564	GAAAACGTTAAACAGTATTTTTCATTAATAATAAA	2600
RESULT 12			
BACKSOB		3753 bp	DNA linear BCT-26-Apr-1993
LOCUS		B.thuringiensis insecticidal endotoxin gene, complete cd.	
ACCESSION	M12662		
VERSION	M12662.1	GI:143228	
KEYWORDS			
SOURCE		Bacillus thuringiensis	
ORGANISM		Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.	
REFERENCE	1	(bases 1 to 3753)	
AUTHORS	Thorne, L., Garduno, F., Thompson, T., Decker, D., Zounes, M., Wild, M., Welfield, A.M., and Pollock, T.J.		
TITLE	Structural similarity between the lepidoptera- and diptera-specific insecticidal endotoxin genes of Bacillus thuringiensis subsp. 'kurstaki' and 'israelensis'		
JOURNAL	J. Bacteriol.	166 (3), 801-811 (1986)	
PUBMED	3011746		
COMMENT	Original	source text: B.thuringiensis subspecies israelensis DNA.	
FEATURES			
source		location/qualifiers	
		1..3753	
		/organism="Bacillus thuringiensis"	
		/mol_type="genomic DNA"	
		/db_xref="taxon:1428"	
		941..2968	
		/note="insecticidal endotoxin (put.); putative"	
		/codon_start=1	
		/transl_table=1	
		/protein_id="AA02614.1"	
		/db_xref="GI:143229"	
		/translation="MNPYONKNEYEIPNAPNGFSKNNYSRYPLANKPNOPKNTNY KDLNVCODNOOGNMGNAFPASSSEITVGAGITVGTMTGAPAPVLAAGIISGTL LPIFWOSDPAWMDLINTGRIQIDKQITINVLSTYTPKQDLKTOEFPDKKE PARTHANAKAVHDLFTLLEPIDLDLMLKNNSYRPLTPAQAQATVHNLNKKAA TYNIMLQNGQINPSTFNSSNYOGLKRIQOBYDQICITVYAGLMTITNTATNA MYTVRLLEMLTVLDLAIPEPNDPEKYPGVSELSREYVTVNNSPTPEITSELENG LTRNPLTFWINGRFPYTRNSRDILIDYDIFSEFGNMAFTHTNDONNITWGAHNGI ISODTSKVPFPRNKPIDKYEIVHREYSDIYEMIFPSSSVPRRISSTJENNYK RITDSYMKPOTKNEBYGHTLSYTKNTYIFSVTRERRRVAFSVTHSVPOFTIDLD NITQIHAKALKVSDSKIVKPGHTGDLVILLKDSMDPVRFLKNSROYQVIRIRA TNAKTVPLFGLDITSELVPSSTSRONPNAVTLVADFGVTFPRVPRPKTEGEBDT LMLTYGTPMHSYNIYIDKIEFIPITQSVLDYTEKQIKETQKIVNDLPVN"	
ORIGIN			
Query Match	9.9%;	Score 221;	DB 1; Length 3753;
Best Local Similarity	43.4%;	Pred. No. 1.1e-20;	
Matches 1090;	Conservative 0;	Mismatches 942;	Indels 174; Gaps 13;
Qy	14	ATAATATGATATGATGATTCATTCAAAGATTTATCTTATCCTTCAACGAGATA	73
Db	951	ATCAAAATGAATGAATGAAATATTCATTCATGCTCCATCCAAATGCTTTTAGCAAGCTCA	1010

Qy	74	TTGATCATTCAGATACCTTTACACAAATATGTCAAATCAACCATTAACAAAACAAAT	133
Db	1011	ATTAATCTTCTGATATTCATTAATGACAAATTAAGCCAAATCAACCAATGAAAAACAAAT	1070
Qy	134	ACAAAGAGGCGCTAATATGTCGAAGGAAATACAAATATGATGATAATTTTCAGACAT	193
Db	1071	ACAAAGATGGCTCAATATGTCGAAGGAAATACAAATATGCAATTAATGCGGGAAT	1130
Qy	194	TTGCTAGTCGTATACAAATTTGCTGACGATAGTCAGAGTACTAATTTGATCCGGTACTGT	253
Db	1131	TTGCTAGTCTGAAACTAATTTGTTGGATGATGACGATATTAATTTAGTAGAACAATATGT	1190
Qy	254	TACCGGATATAGGTGGCTCACTTATATCCGACCATAGGAATATATAGGCTATATA	313
Db	1191	TAGACCTTTTGGCTGCC-----CTGCTTAGCTGACAGTA	1226
Qy	314	TATATCTTTTGGTACCCTAATCATCTGCTTTTGGCCGCGGAGAACAAAGCAACAG	373
Db	1227	TATATCTTTTGGGACCTTTGTTGCCGATCTTTGGGCAAGATCTGACCTG---CAATG	1283
Qy	374	TATGACACAAATTTATTAATGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCA	433
Db	1284	TTTGGCAGATTTGTTAAACATGAGAGGAGGCTATACAGAAATATGATTAATAACATTA	1343
Qy	434	TAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAAGAGATTAGACAAATATTTACAAAGCTATATA	493
Db	1344	TTAATGCTAACTT-----CTATGTAACACCTATTAATAATCACTTGATTAATATC	1397
Qy	494	CAGCATTAATGATTTGAGAAATTTAAAGACTAATACCTCTGATTAACACCTCAT	553
Db	1398	AAATAATTTTGCATTAATGAGAGCCGACGACGATACACGCTAATGCTAAAGCAGTA-CAT	1456
Qy	554	CAGCATTTACAAACAGCTGCTTGACCTTAAATACGATTTGAGATTTTCACAATGATT	613
Db	1457	GATCTCTTATACCTTAAACCTTAATATGATTAAGATTTAGATATGTTAAAA-----	1511
Qy	614	TTATTCAGAAATACCTGCTTCCAACTTGAACTTATTAACGCTATTAATCTATTT	673
Db	1512	-----ATAATGCTAGCTATGAAATACCAACATCTCCGCTGCAAT	1547
Qy	674	ATGCGCAAGCTGTAATTTTCAATTAATTTATTAACAAGGTGCTGAATGGCTGATG	733
Db	1548	ATGCACAAAATGCTACCTGGCACTTAATTTAATAACATGCTGATCTATTAACAATA	1607
Qy	734	AATGATGCAATATATACCTCTTCACAAAATGAACTTAATGCTGGAACATGATGATCT	793
Db	1608	TATGCTGCAAAATCAAGATTAATATCAAGTACTTCAAT-----TCATCAATTAATCT	1661
Qy	794	ATTATTAACCTTTTAAAGAAATATATACCTTAATATATGTAATTTGTGCAAAATACCTATA	853
Db	1662	ATCAGGGCTATTTTAAACGTAATTAACAAGAAATATCTGATCTATATTAACAACGTAACA	1721
Qy	854	GAAAGAGCTAAATTAACCTTCCAAACGAACCTTAATATGATGAGATATATTAATGATT	913
Db	1722	ATCCAGAGCTAACCTAATGATTAAGAACTTAATACGCAACATGGAATATGTAATAACTT	1781
Qy	914	ATGAAGATATATGATTAATCTATGATATATGATATCTATGCTCAATTTTCTTTTATGATA	973
Db	1782	ACCGTTTGAATATGATCTTACATGCTTATGATTTATTTGCTATTTTCCAAATTAATGACC	1841
Qy	974	TAAAGAGATACAAAGATTCATTAAGAAATATGATGAGCTTAATAACTGAACCTTAACAAG	1033
Db	1842	CAGAAAAAT-----TCAAATAGAGATTAATCTGAACCTTATCAGAG	1883
Qy	1034	AAATTTATCAACTGAATTAATTTTGAACCGCTTATCTTAACCTTGAATTAACCAACATC	1093
Db	1884	AACTTTATAGATATGATTAATTCAGATACATTTAGAACATTAACAGACATAGAA-----	1936
Qy	1094	TCGCTAATATGATATTAATTTAACAAGCTTACAGGGCTTATGATTTTCAATTTTATGATG	1153
Db	1937	-----AATGATTAATCTAAGAAATCTATATTTATTTACTTGATTAACACC	1979
Qy	1154	AACTTAATTTATTAACAAAAATGAACGTAACGGAATCGTTTATGTTGATTCGAATC	1213

Db 1980 AAGGGCGTTTACACAGAAATCTCGAGACATTCCTGATCCTTAATTTTCTT 2039
 Qy 1214 GTAATGATCTAATCTATGCTACGACAGAACTGAAATATATATGAGAAAGACAGTCC 1273
 Db 2040 TTACAGGTACACAGATGCGCTTTTACACATCTAATGATGCAACATATCTGGGAG 2099
 Qy 1274 CACCACACACAAACCTTAATACATTTGAATCCTTAATAGTTTCAATGTAATGATTA 1333
 Db 2100 CGGTTCATGAAATATTTTCTCAAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATAGAAACA 2159
 Qy 1334 GACAAGTAACTCTAATCTCCCTTTTCTTAACATATACCTTTTACATTAATCAATGTAAC 1393
 Db 2160 AACCATGATGATAGGTGCAAAATGTCAGACATAGAGATCACTCAATATATATGAAA 2219
 Qy 1394 TTTATTTAATTAATCCTTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1453
 Db 2220 TGATATTTTTCGATAGAGATGATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 2279
 Qy 1454 ATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1513
 Db 2280 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2339
 Qy 1514 ATCCAAATTTGTTTACCAAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1573
 Db 2340 ATGTCATACCTCTATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2385
 Qy 1574 TTAATTAATTTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1633
 Db 2386 -----AGTATGATGAGAAAGAGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 2420
 Qy 1634 GAGACACAGATGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1693
 Db 2421 GAGACACAGATGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2480
 Qy 1694 CAGCAATCAAAAGTAACTGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1753
 Db 2481 AAGCTCTAAAGCTTTGAGATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 2540
 Qy 1754 CAGGAGAACTGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1813
 Db 2541 CAGGAGAACTGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2600
 Qy 1814 CTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1873
 Db 2601 ATGTTCTGACAA--TATCAAGTACGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 2657
 Qy 1874 CTCTTCTAATATCTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1933
 Db 2658 CAGTA--TTCTTAACCGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2715
 Qy 1934 ACAACACTTTTCTGTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1993
 Db 2716 CCAAAAC-----CCAATGCTACAGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2765
 Qy 1994 AATTTCCAGTACGT-----AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2825
 Db 2766 CATTTCAAGACATGCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2825
 Qy 2045 TTAATCGAGATGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2104
 Db 2826 TATATGATACCAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2885
 Qy 2105 TTAATCTCTGATACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2164
 Db 2886 TCACCTCAATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2945
 Qy 2165 TAAATACATTTTCAAAATCACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2210
 Db 2946 TGAATGATTTATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2991

RESULT 13

E00614
 LOCUS E00614 3756 bp DNA linear PAT 29-SEP-1997
 DEFINITION DNA encoding a polypeptide having insecticidal activity(BTI endotoxin).
 ACCESSION E00614
 VERSION E00614.1 GI:2168893
 KEYWORDS JP 1986005098-A/1.
 SOURCE Bacillus thuringiensis
 ORGANISM Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 3756)
 Aran, E. U. and Toomassu, J. P.
 INSECTICIDAL POLYPEPTIDE
 Patent: JP 1986005098-A 1 10-JAN-1986;
 JOURNAL SHINTO CORP
 OS Bacillus thuringiensis
 PN JP 1986005098-A/1
 PD 10-JAN-1986
 PR 21-FEB-1985 JP 1985031647
 PR 22-FEB-1984 US 84 582506, 22-JAN-1985 US 85 693556 PI
 ARAN EMU UORUFULIRUDO, TOOMASU JIEI POROTSUKU PC
 C07K15/04,A01N63/02,C07H21/04,C12N15/00//C12P21/00, C12N15/00, PC C12R1.19) ;
 CC strandedness: Single;
 CC topology: Linear;
 CC hypothetical: No;
 CC anti-sense: No;
 CC *source: strain=Israelensis ONR-60A;
 CC *source: clone=BRI4-1;
 FH Key Location/Qualifiers
 FT 5'UTR <1..925
 FT CDS 926..2971
 FT /product='BRI endotoxin'
 FT mat_peptide 926..2968
 FT /product='BRI endotoxin'
 FT 3'UTR 2972..3756.
 FEATURES
 source
 1..3756
 /organism='Bacillus thuringiensis'
 /mol_type='genomic DNA'
 /db_xref='taxon:1428'
 ORIGIN
 Query Match 9.4%; Score 209.6; DB 6; Length 3756;
 Best Local Similarity 49.7%; Pred. No. 3.7e-19;
 Matches 1100; Conservative 0; Mismatches 929; Indels 183; Gaps 15;
 Qy 11 ATATTAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 70
 Db 954 AAAATTAATGAAATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1007
 Qy 71 ATATGATCAATTTAGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 130
 Db 1008 CTAATTAATTAATTTAGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 1067
 Qy 131 ATTAACAAGTGGCTCAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 190
 Db 1068 ATTAACAAGATGGCTCAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 1127
 Qy 191 CATTTGATGAGTGAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 250
 Db 1128 ATTTGATGAGTGAATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 1187
 Qy 251 TGTAGCGGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 310
 Db 1188 TGTAGGAGCTTTGCTGCC-----CTGTCTAGTGGAG 1223
 Qy 311 TAAATTAATCTTTTGGATCCTTAATCACTGCTTTTGGCCCGGAGAACACAAACAA 370
 Db 1224 GTATTAATTAATCTTTTGGGACCTTTGTTGGCGATCTTTTGGCAAGATCGACCTCG---CAA 1280

QY 371 CAGTATGACACAACTTAAATGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAAACAGAA 430
 Db 1281 ATGTGTGGCAGGATTTGTAACAATCGAGAGAGCCATATCAAGAAATAGATAAACA 1340
 QY 431 GCATAAACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGAGATTTAGCAATATTTCAAAAGCTATA 490
 Db 1341 TAAATTAATGATCTACTT-----CTATCGTACCACTATTAATAATCAACTTGATTAAT 1394
 QY 491 ATACAGATTAAGATGATGAGAAATTAATAAGATCAAGCTCTGATTAACACAT 550
 Db 1395 ATCAAGATTTTGTGATTAATGAGAGCAGACGTACACAGCTATATGCTTAAGCAGTA- 1453
 QY 551 CATAGCATTAACAACAGCTGCTTGACTTTAAATTCGATTTGAGATGTTCAATG 610
 Db 1454 CATATCTCTTACTTACCTTGAACCTATATTAATTAAGATTTGATGATGTTAAAA-- 1511
 QY 611 ATTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACTTAATAACGCTATTAATCTTA 670
 Db 1512 -----ATTAATGCTAGCTATCGAATACCAACACTCCCTG 1544
 QY 671 TTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTAACAACAAGCTGATTTGGCTG 730
 Db 1545 CATATGACAAATGACTACTTGCACTTGATTTTATTAACAACATGCTGCTACCTATTACA 1604
 QY 731 ATGAAATGGAATGCAATATACCTCTTCAACAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATG 790
 Db 1605 ATATATGCTGCAAAATCAAGATTAATAATCCAGATCTTTCAT-----TCATCTAAT 1658
 QY 791 ACTATTAATACTTTTAAAGAAATATACCTAATATATAGTATGATTTGTCAGAAATCT 850
 Db 1659 ACTATCAGGCTATTTTAAAGCTTAATAATCAAGAAATATACCTATATTTGTTACAAACGT 1718
 QY 851 ATAGAGAGAGCTAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATGAGATGAGATATTTATG 910
 Db 1719 ACATGACAGACCTAATATGATTAAGACTAATATACCAACGAACATGGAATGATATA 1778
 QY 911 ATTATCGAAGATATATGACTTTACTGTATTTAGTATGATGCTCAATTTCTTTATG 970
 Db 1779 CTATACCTTTAGAAATGACTTAACTGTGTAGATCTTATTTGCTAATTTTCCAAATATG 1838
 QY 971 ATATAAGAGATACAAAGATTCATATAGAGAAATATGAGCTAATAAATCTTCA 1030
 Db 1839 ACCGAGAAAATA-----TCCAAATGAGAGTAAATCTGAACCTATCA 1880
 QY 1031 GAGAAATTTATACAACTGAATTAATTTTGACCGCTTACTTACCTTGAATTTCAACCA 1090
 Db 1881 GAGAAATTTATACAAAGTTAATTCAGATACATTTAGAACATTAACGAATAGAA---- 1936
 QY 1091 ATCTGCTATTAATGAAATATATTTAACAGCTTCAAGGCTTGAATTTTCAATTTTATG 1150
 Db 1937 -----AATGATTTAATCTAGAAATCTTACATTTATTTTACTTGATTA 1976
 QY 1151 ATGAATCTATATTTTATACAAAAATGAAGCTACGGGAATCGTTTATGTTATGGA 1210
 Db 1977 ACCAAGGCGCTTTTACACAGAAATTTCTGAGACATTTCTGATCTTATATATATTTT 2036
 QY 1211 ATCTGAATGATCTAATTTAGCTACGACAGAGATGAATTTATATGAGAGAAACAG 1270
 Db 2037 CTTTACAGGTACCAATGAGCTTTTACACATATTAATGATGAGCAGAACATATCTGGC 2096
 QY 1271 GTCCACCAACAACAAACTTAATACATTTGAATCTTATTAAGTTCAATTTGTAATG 1330
 Db 2097 GAGGGTTCATGAAATATTAATTTCTCAAGACATCAAAAGTATTTCTTTTATGAA 2156
 QY 1331 ATAGACAAGTAACTCTACTTCCCTTTTCTAATATTAATCTTAACTTAATGAATG 1390
 Db 2157 ACAAACTATGATTAAGTGAATTTGTCAACATTAAGATCTACGATTAATTAATG 2216
 QY 1391 AACTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1450
 Db 2217 AATATGATATTTTTCGAATGAGGTGAATTTTCATATTTCAATCAATTTCAACATG 2276
 QY 1451 CTATATGATTAATAACAACTGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGTAACCAATTA 1510

Db 2277 AATATATTAATAAAGAACTATTTATATGATTTCCAAAACAAATGGAATGAG 2336
 QY 1511 TTAATCCAAATTTGTTACCAAGCTATTAATATGATATGCAATTTTATCCATTTTCT 1570
 Db 2337 AATATGCTACTCTATGCTATATTAATAAATGATATTAATTAATTTTCT----- 2385
 QY 1571 TATTTAATTAATTTCTTAATAAATGATGATGCGTAAATATATTAATTAATGAGTCA 1630
 Db 2386 -----AGTATTAAGAAAGAAAGGTTGCAATTTA 2417
 QY 1631 GATGACACACAGTATGTTAATGAATATATGCAATATCAGTAAATTAATTAATGA 1690
 Db 2418 GTTGGACACATCTAGTGTGATTTCCAAATCAATAGTTAGATTAATCATCACCAA 2477
 QY 1691 TCCAGCAATCAAGGTAACAGCTGATTAACAACCTAAGTAATTAAGAAAGCTGCTC 1750
 Db 2478 TCCAGCTTAATAAATCTTAAGATTAAGTATTAATTAATAAATTTGAAAGCTCGCTC 2537
 QY 1751 ATACAGAGAGAACTTGTTTATTTTACAAAGTCAAGGCGCTTGAAGATTAATCAATGAA 1810
 Db 2538 ACACAGTAAATCTTGTAATTTCTTAAGATATGATTAATTTAGAGTTTAA 2597
 QY 1811 CTCTAATTTTACCAATCTTATTAATTAATGATTTGATACCTTAACAAATGCTGGA 1870
 Db 2598 AATATGTTCTCAACA--TATCAAGTACGATTTGTTATGCTAATATGCTCAAGA 2654
 QY 1871 ATACTCTTCTAATATATCTCTTAACAATACAGAGATTAAGAAATACCACTCAAGAC 1930
 Db 2655 CAACAGT--ATTCTTAACGGAATATGATTAATGATGAGAGCTCCCTTAATCACTTC 2712
 QY 1931 TCAACAACACTTTTCTGTTGTAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1990
 Db 2713 CCGCAAAAAC-----CCAAATGCTACAGATTTTACATATTAATGAGATTTTGAATG 2762
 QY 1991 TCCATTTTCCAAATGAGT-----AACATTAACCTTTAATGAAACATACATTTA--- 2043
 Db 2763 TAACTTTTCAAGAACAGTTTCAAAATTAACATTTGAAGAGAGACATTTTATTAATG 2822
 QY 2044 -----TTAATGCTGAGATGATCAAAATCAATTTTAATCATTTGAATTAATTAATG 2098
 Db 2823 ACCCTTATTAATGATACCAAAATCAATCATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2882
 QY 2099 TACCAATTAATCTTCTCTGTAACGCAAAATTAAGAAACAAATTAATTAATTAATTA 2158
 Db 2883 TTCCAAATCACTCATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2942
 QY 2159 CAAAATTAATTAATTAATTTTCACAAATCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2210
 Db 2943 AATATGATGATTAATTAATTTGTTAATTAATAAACAAGTTCTTACTTAATAATGA 2994
 RESULT 14
 DQ078744 434 bp DNA linear BCT 11-JUL-2005
 LOCUS DQ078744
 DEFINITION Bacillus thuringiensis strain LDC-9 cry4A insecticidal protein (cry4A) gene, partial cds.
 ACCESSION DQ078744
 VERSION DQ078744.1 GI:68348788
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Bacillus thuringiensis
 Bacillus thuringiensis
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 434)
 Mahalakshmi, A., Sujatha, K. and Shenbagarathai, R.
 PCR analysis and molecular characterization of cry4A gene of indigenous Bacillus thuringiensis LDC-9
 Unpublished
 JOURNAL 2 (bases 1 to 434)
 Mahalakshmi, A., Sujatha, K. and Shenbagarathai, R.
 Direct Submission
 TITLE Submitted (31-MAY-2005) PG Department of Zoology and Research

Centre, Lady Doak College, Chinnachockikulam, Madurai, Tamilnadu
625002, India

FEATURES

source

location/Qualifiers

1..434

/organism="Bacillus thuringiensis"

/mol_type="genomic DNA"

/strain="LDC-9"

/db_xref="taxon:1428"

<1..>434

/gene="cry4A"

<1..>434

/gene="cry4A"

/note="cry4A delta endotoxin; contains putative conserved domain of delta endotoxin"

/codon_start=1

/transl_table=11

/product="cry4A insecticidal protein"

/protein_id="AAV96321.1"

/db_xref="GI:68348789"

/translation="SSLNFOOSYFIRIRYASNGSANRPAVINLSIGVAELGMLNPT
FSGDYTNLKYKDFYLFSEFNSVKRPAFNPQNSLVFNKSDVYTNNTVLIDKIEFLPITR
SIREDEKQKLETVQOIIINTFYANIKNTLQSELTVDIDQGG"

ORIGIN

Query Match 9.1%; Score 202.8; DB 1; Length 434;
Best Local Similarity 70.2%; Pred. No. 7.1e-18;
Matches 302; Conservative 0; Mismatches 122; Indels 6; Gaps 2;

1809 AACTCTTAATCTACACATCTTATTACATTAAGCTTGATACGCTACAAATGGTCTGG 1868
3 ATCACTCAATTTCAACATGCTATTATTAAGATTGGTTATGCTTCAATGGAAGGC 62
1869 AATATCTTCTCTAATATCTCTTCAATACAGAGATGAATGAATCAACTCAACG 1928
63 AATATCTGAGCTGTATTAATCTTGAATCCAGGCG--TAGCAAGACTGGATGCG 119
1929 ACTCAAGAACCTTTCTGGTACAAATTAATTAATTAATCAATCGAGATTTGGGTA 1988
120 ACTCAAGAACCTTTCTGGTACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 179
1989 TTTCCAAATTTCAAGTACATTAATCTTAAATGCAAAACATACATTAATTAATTA 2048
180 CTGTAATTTCTCAAGAGTGAATTTGCTCCAAATCAAAACATATCTCTTGTCTTA 239
2049 TCGTCAGATGAT--CAATTCATTTTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2105
240 TCGTCAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 299
2106 TACTTCTCTGAGCCAAATAGAGAAAACAAATTAAGAACTATCCAAACAAAT 2165
300 TACTTCTCTGAGCCAAATAGAGAAAACAAATTAAGAACTATCCAAACAAATTAAT 359
2166 AATATCAATTTCAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2225
360 TAAATCAATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 419
QY 2226 TATTGATTAA 2235
DB 420 CATAGATCAA 429

RESULT 15

AF285775 4959 bp DNA linear BCT 16-AUG-2000
LOCUS AF285775
DEFINITION Bacillus thuringiensis subsp. finitimus parasporal inclusion
protein Cry (cry) gene, complete cds.
ACCESSION AF285775
VERSION AF285775.1 GI:9828609
KEYWORDS
SOURCE Bacillus thuringiensis serovar finitimus
ORGANISM Bacillus thuringiensis serovar finitimus
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
cereus group.

REFERENCE 1 (bases 1 to 4959)
AUTHORS Moore,G.D. and Debro,L.H.
TITLE Cloning and Analysis of a Gene for Exosporium Enclosed Cry Protein
of Bacillus thuringiensis subspecies finitimus

JOURNAL

Unpublished

2 (bases 1 to 4959)

Moore,G.D. and Debro,L.H.

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

Submitted (07-JUL-2000) Biology, Jacksonville State University, 700
N. Pelham Road, Jacksonville, AL 36265, USA

FEATURES

source

1..4959

/organism="Bacillus thuringiensis serovar finitimus"

/mol_type="genomic DNA"

/sub_species="finitimus"

/db_xref="taxon:29337"

gene

1128..4514

/gene="cry"

CDS

1128..4514

/gene="cry"

/codon_start=1

/transl_table=11

/product="parasporal inclusion protein Cry"

/protein_id="AAQ0235.1"

/db_xref="GI:9828610"

/translation="MDKINKIKIGQSTENVSESIFFNPEDSSPTVAIVSAGIVNGT
LITAFSVFNGVLIISFGTLPVLMFPDESPKTSOFKAKGDELLNQTITAVKS
ITALHLNGFQDVLTLYRFAFNDWRNSANTARLVSRQFENAHFNFSNMQLDPTV
DTLLSCYTEANLHLNLHOGVQFADQANADQSHMLSSGTYBELVYIKELYN
YCTKTKGHLNLHLSKRTIWDANVTYRRENTLVLVDLVAFFPYDILRRFPGVGLG
TREYVATLDPGLNAGPIPEIDPSYLDLTPGLFTWILSLATRESVAEGVLSG
IRESKYTGAFPTMKRIYGNTRLSQDLITLPGERTHLSIRGQTIAGINKLVS
LIQKIVTFTEFNDEYOKNFVNQNPQSTNTNPNDGSSNGQFKNLSHFPLIH
QVEPABYFHSIFALGWTNVSQNLSESVSTQIPLVKAEVTNVSIRPGGTGD
LIEBARDCSIKCKASISLKYAISLFYANNAIAVSDVGSAGVLLQPTFSRKNNG
FTIOLNVDPOYHTLVDLELPESEIHLHKKEDYBEGVILLIDLEKPIIDENY
TNEMLLEKAKVAVLFINATNMLKMDVTHIDOVANIVACISDDLYAEKYLHLA
IKPAKQISQARNLSDPNRNNAENSTANTGCTIIEGDLVYKRAIQLSAADENP
PVTYVQKIDSLDPTPYRQYQURGVESQDLELVLVYGADIVANVPGDILSYSA
PINCBEIETRLDPTTCALDRCKQSNVNSAADVRPQVNGDPHAFPHIDGTGND
RNLDGIWILFKIATPDGATFAGNLELIELGSLGSLALAVOKRQKMGNTYQKEEAA
KLVAAKOTINOLPDSOGTRKPRDEFSNLSADKLVYKIRDYSEVLAVIPGLAND
LWELLENRIONALIDVABNTYNGERNGLANMAHVNKREVRQIDPSVYVLSNVA
OVAOSLVAKPDHGVLEFRTAKKESITNGCYTITLDCANAHIDTLTSSCDGTTSSNEL
AAVYTKLEIFPDIDQIRIEIGTEGFYVESVDLIMED"

ORIGIN

Query Match 8.5%; Score 190.8; DB 1; Length 4959;
Best Local Similarity 49.5%; Pred. No. 1.1e-16;
Matches 958; Conservative 0; Mismatches 852; Indels 126; Gaps 13;

303 AGGTGCTAATTAATATCTTTGGTACCTTAATCACTGCTCTTTGGCCCGGGAGACA 362
1292 AGGTGGGTACTTAATCATTTGGAACCTTGCGCCGCTCTTTGGCCGTATCCAGAGA 1351
QY 363 AGA---CAAAACAGTATGACACAAATTTTAAATGAGAAATTTTGTGATACCC 419
DB 1352 AGATCCAAAATAATTTGGTCAATTTATGAAAACAGGAAACCTTTTAAATCAAAC 1411
QY 420 GTTAAAGAAAGCAATTAACAGCTAAAGTTTCAACTTGAAGATTTAGACAAATATT 479
DB 1412 AATTTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCAATTAGCTACTTAATGTTTAAAGATGATTT 1471
QY 480 ACAAGCTAATTAATCAGCATTAATGATGATGAGAAAATTAAGAACTCAAGCTCTCG 539
DB 1472 AACGTACTATGAAGAGATTAATTAATGATGATGAGAAAATCAAGTCAAAATTAATCTGCAG 1531
QY 540 ATTACCAACATCAACAGATTAACAAAGCTGCTTGAATCTTAAATTAATCAATTTGAGA 599
DB 1532 ATTGATCAAGA-----GATTTGAAA 1555
QY 600 TGTTCACAAATGATTTTATTCAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAAATTAATAACGCT 659


```

Db      1556 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCCAACTCCACGTATGACATT 1615
Qy      660 ATTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTATTAACAACAGGTGC 719
Db      1616 ATTATTAAGTTGTATATACAGAAAGCTGCAAAATTTTCAATTTGATTTATTAACATCAAGGTGT 1675
Qy      720 TGAATGGCTGATGAAATGGAATGCAATATACCTTCCAAATTTGAACCTAATGCTGG 779
Db      1676 ACAATTTGCGGATAAATGGAATGCAATCAACCAATTCACAAAT-----GTGAA 1726
Qy      780 AACATCAGATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATATGATATATG 839
Db      1727 GTATCAGGATCTATTTATATGACAGCTTTGTGTATATTTGAAGAAAGTATATTAATTTATG 1786
Qy      840 TGCAAATACCTATATAGAGAGAGACTTAATTAACCTTGAAACGACCTAATATGAGATGAG 899
Db      1787 CACCAAGACATACCAATTAAGGATGGAATCACCCTTAAGAAATCAGAAAAATCAGATGGA 1846
Qy      900 TATATTTAATGATATATGAAATATATGACTATTAATCTATGATTAATTAATCTATGCTCAAT 959
Db      1847 TGTATTAACACATATGCTGAGAAATGACCTTAATTTGATTTGATCTTGTGCAACTTT 1906
Qy      960 TTCTTTTATGATATTAAGAGATACAAAGATTCAATGGAAGAAATAGGTGCAATTAAC 1019
Db      1907 TCCCTTTTATGATATACGTGCT-----TTCCAAGAGAGAGTGAAGT 1948
Qy      1020 TGAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAATTAATTTTGAACGCTTATCTTACCTTGA 1079
Db      1949 AGAATTAACAAGAGAGGTTTATACAGTTTATGATCCACCTGTTTAATGCTGGCCAAAT 2008
Qy      1080 AATTCAACCCATCTCGCTATATATGGAATATATTTAATTAACAGGCTTGAAGCTTATAT 1139
Db      2009 ACCGAAATATAGTTTCAGTTATTTGGAAGATCAATTTAACAGACCA---CCAGGCTATAT 2065
Qy      1140 TTCAATTTTATGATGAACTTATATTTTATACAAAAAATGAACGTACGGAATCGTTAGT 1199
Db      2066 TACTTGGCTGCAATATTTGATTTATACGGAAGGTGTGCAAGAGGCAATTTATATC 2125
Qy      1200 TGGTATTTGCAATGTAATGATCTACTTATGCTACGACAGAACTGAATATATATATG 1259
Db      2126 AGGATTTGAGAGTCTAAATATATATCTGCT-----AATCAATTTTTTA 2169
Qy      1260 AGAAGAACAGGTCCACCCACAAACAACTTTAATACATTTGAATCTTAAAGTTTC 1319
Db      2170 CGATGAAAAAATTTATGTAATACAAATAGATTAAGTAACAGCTCATTAATTATAC 2229
Qy      1320 AATGTACTGATGACAAATGATCCACTTCCCTTTCTTAACATATACCTTAACAAT 1379
Db      2230 CAGCGAATTTATCACTCACTTAAGCATTAACCGTGGTTTCAAAACATATAGCTGTATTA 2289
Qy      1380 TAATCAATTTGAACTTTATTTAAATTAATTCCTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGG 1439
Db      2290 ATTAAGTTATACAGTTTATTCAAAAAATGTAATTCACAACTTTAAAAACGATATGAT 2349
Qy      1440 GGGGAATTTATCTAATGATAAAAAACAATGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTG 1499
Db      2350 ATCAAAAAAATTTTATGTGATATCA-----AATGAACCTCAAGAAAC 2395
Qy      1500 TAAACCAATTTAATCAAAATTTGTTTACCAAGCTAATATAGTATATGCTATTTTATC 1559
Db      2396 TACAAACATCTCTAATGATTTATGTTGTTCAACAGCCAAAAATTCAAACATTAATTAATC 2455
Qy      1560 CCAGTTTCTTATTTATTTATTTCTATATAAATTTGATTAAGCGTAAATATATATATATAC 1619
Db      2456 TCATTTTCAATTAATCA-----CAACCAAGTAGAGTTTGTGATATTTTCACTCAT 2509
Qy      1620 AGGTGATTTAGATGACACACAGTAGTGTAAATGAATATATGCAATATCAGATTAAT 1679
Db      2510 AATTGCAATTAAGTTGACACCAATAGTAACTCCCAAAATTTAATATCAGAAAGGTGT 2569
Qy      1680 AATTACATGATCCAGCAATCAAGTAAACAGTCTGATCAAACTTAAGGTATTTGA 1739
Db      2570 GAGTACACAAATCCATTTGTAAAGCTTACGAAGTTACTACCAATTTCA---GTTATTAAG 2626

```

```

Qy      1740 AGGACCTGTCATATACAGAGAAACTTGTGTTATTTTACAAAGTCAAGGCGTTTAGAT 1799
Db      2627 AGGACCAAGTTTATACAGTGAATTTAATTAAGAACTTCGTATTAATTTCTATTAATATG 2686
Qy      1800 TACATGTAAGATCCCTAATTTCTACAAATCTTATTAATTAAGCTTCGATAGCTTCAAA 1859
Db      2687 TAAA-----GCTAGTCTTTAAAAAATACGCTAATAGTCTAATTTATATGTCGCAAA 2737
Qy      1860 TGGTGTGGAATATCTTCTAATATATCTCTTAACATACAGAGATATAGAAATACC 1919
Db      2738 TAAAGCAATAGCTGTATCAATTAAGACGTAGTATTCGGAGAGAGGTTCTATTTGAACC 2797
Qy      1920 ACCTCAACGATCAACAACACTTTTCTGTATCAAAATTAATTAATTTAACAATACGAGA 1979
Db      2798 TACCTTTTCAAGAAAGGGAACAAATATTTTCAATTCAGAAC---CTTAACATATAGGA 2854
Qy      1980 TTTTGGTATTTCCATTTCCAAATTCAGTACATTAACCTTTAATTCGAACATACAT 2039
Db      2855 TTTTCAATATCATACCTTTTATGTTATATGAAATTAACCGAAAGTAAAGAAATTCATAT 2914
Qy      2040 TATATTTAATCGTACAGATGATCAAAATTCAAATTTTAATCAATGATTAATTAATTTAT 2099
Db      2915 CCATTTGAAGCGAGAGAGATGATTT---ATGAGAGGAGTGTCTTTTATTTGATTAAT 2971
Qy      2100 ACCAATTTACTTCTCTGTACGCCAAATTAAGAAAAAACAATAATTAAGAACTATCCAAAC 2159
Db      2972 AGAGTTCAAACTATATGATGAATAATTAATTAATGAATAATTAAGAAAGCAAGAA 3031
Qy      2160 AAAAATTAATACCTTTTTCACAAATCATACAAAAAATACCTTTAATTAATTAAGAAAGCCCAAA 2219
Db      3032 AGCAATGAATGATTAATTTATTAAC---GCAACAAACGCTTTGAATAATGACGTAACTGA 3088
Qy      2220 CTATGATTAATTAATTA 2235
Db      3089 TTATCATTTGATCA 3104

```

Search completed: December 21, 2005, 19:16:50
 Job time : 1121.5 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 12:33:37 ; Search time 362.944 Seconds
(without alignments)
10211.524 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-3

Perfect score: 2085

Sequence: 1 atgtgtcaagggaatacaca.....caactatgatgtgattaa 2085

Scoring table: IDENTITY NUC

Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 1303057 seqs, 888780828 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2606114

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Issued Patents NA:*

- 1: /cgn2_6/ptodata/1/ina/1_COMB.seq:*
- 2: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5_COMB.seq:*
- 3: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A_COMB.seq:*
- 4: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B_COMB.seq:*
- 5: /cgn2_6/ptodata/1/ina/H_COMB.seq:*
- 6: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PCTUS_COMB.seq:*
- 7: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PP_COMB.seq:*
- 8: /cgn2_6/ptodata/1/ina/RE_COMB.seq:*
- 9: /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfile1.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	331.4	15.9	3543	3	US-09-224-024-27
2	331.4	15.9	3543	6	PCT-US94-07902-27
3	158	7.6	2061	3	US-09-224-024-30
4	158	7.6	2061	6	PCT-US94-07902-30
5	92.6	4.4	3507	2	US-08-315-468-3
6	79.6	3.8	3444	2	US-08-349-867-22
7	79.6	3.8	3444	2	US-08-349-867-26
8	79.6	3.8	3444	2	US-08-239-476-22
9	79.6	3.8	3444	2	US-08-598-305A-22
10	79.6	3.8	3444	2	US-08-598-305A-26
11	79.6	3.8	3444	2	US-08-639-923A-22
12	79.6	3.8	3444	2	US-08-639-923A-26
13	79.6	3.8	3444	2	US-08-639-923A-28
14	79.6	3.8	3444	6	PCT-US95-05431-22
15	79.6	3.8	3444	6	PCT-US95-05431-26
16	79.6	3.8	3450	2	US-08-349-867-20
17	79.6	3.8	3450	2	US-08-239-476-20
18	79.6	3.8	3450	2	US-08-598-305A-20
19	79.6	3.8	3450	2	US-08-639-923A-20
20	79.6	3.8	3450	6	PCT-US95-05431-20
21	79.6	3.8	3522	2	US-07-828-788A-9
22	79.6	3.8	3522	2	US-08-349-867-24
23	79.6	3.8	3522	2	US-08-349-867-28
24	79.6	3.8	3522	2	US-08-239-476-24

25	79.6	3.8	3522	2	US-08-239-476-28	Sequence 28, Appl
26	79.6	3.8	3522	2	US-08-356-034-7	Sequence 7, Appl
27	79.6	3.8	3522	2	US-08-598-305A-24	Sequence 24, Appl
28	79.6	3.8	3522	2	US-08-598-305A-28	Sequence 28, Appl
29	79.6	3.8	3522	2	US-08-639-923A-24	Sequence 24, Appl
30	79.6	3.8	3522	2	US-08-639-923A-28	Sequence 28, Appl
31	79.6	3.8	3522	3	US-08-933-891-7	Sequence 7, Appl
32	79.6	3.8	3522	3	US-09-178-252-5	Sequence 5, Appl
33	79.6	3.8	3522	3	US-09-121-144-7	Sequence 7, Appl
34	79.6	3.8	3522	3	US-09-826-660-5	Sequence 5, Appl
35	79.6	3.8	3522	3	US-09-837-961A-7	Sequence 7, Appl
36	79.6	3.8	3522	6	PCT-US92-11337-9	Sequence 9, Appl
37	79.6	3.8	3522	6	PCT-US95-05431-24	Sequence 24, Appl
38	79.6	3.8	3522	6	PCT-US95-05431-28	Sequence 28, Appl
39	79.6	3.8	3522	6	5188960-7	Patent No. 5188960
40	79.6	3.8	4020	6	PCT-US91-02560-1	Sequence 1, Appl
41	77.8	3.7	3504	3	US-10-089-678-2	Sequence 2, Appl
42	77.8	3.7	3690	3	US-10-089-678-3	Sequence 3, Appl
43	77.2	3.7	1959	3	US-08-996-441B-13	Sequence 13, Appl
44	77.2	3.7	1959	3	US-08-993-722A-13	Sequence 13, Appl
45	77.2	3.7	1959	3	US-08-993-170A-13	Sequence 13, Appl

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-09-224-024-27
; Sequence 27, Application US/09224024
; Patent No. 6056953
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Leslie Hickle
APPLICANT: Jewel Payne
TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests
NUMBER OF SEQUENCES: 31
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSER: David R. Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: FL
COUNTRY: USA
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/09/224,024
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/856,226
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: NA79
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 904-375-8100
TELEFAX: 904-372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3543 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-09-224-024-27
Query Match 15.9%; Score 331.4; DB 3; Length 3543;
Best Local Similarity 53.8%; Pred. No. 3.3e-56;

Matches 856; Conservative 0; Mismatches 697; Indels 38; Gaps 7;

```

Qy 499 TATTAACGCTATTACTTATTTATGCGAAGCTCTATTTCTTAAATTTATTA 558
Db 604 TATTAACGCTATTACTTATTTATGCGAAGCTCTATTTCTTAAATTTATTA 663
Qy 559 CAACAAGCTGCTGATTTGCTGATGAAATGAAATGCAATATACATCTTCAAAATGAA 618
Db 664 AATCAACCCGCTCAATTTGAAAGCTATTTAAAAACAATGCAATTCATTTATTTAGAG 723
Qy 619 CCTAATGCTGGAATGATGATGATTAATTTTAAAGAAATTTATTTATTTAT 678
Db 724 CCTTGCCTTTTAAAGCAATTTGATTTATTCAGATTTGATTAAGCTATTAAGAAATTTAC 780
Qy 679 AGTAATCTATTTGCAAAATTAATTAAGAAAGCACTAATTAATTAATTTTGAACCTAAT 738
Db 781 ACTAATTTATTTGTAACAATTTAATTAAGAAATTTAATTTAATTAAGCAAGCTGAT 840
Qy 739 ATGAGATGAGATATTTTATGATTTATGAAATATGATTAATTTATTTATTTATTTAT 798
Db 841 AGTAATCTGATGAAATTAATTAATTAAGCAATGATGATGATGAAATTAATTTATTTAT 900
Qy 799 ATGCTCAATTTCTTTTATGATTAATTAAGCAATTAATTAATTTATTTATTTATTTAT 858
Db 901 ACTGCTATTTATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 960
Qy 859 GGCATTTAAATCTGAATTAATTAAGCAATTTATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTT 918
Db 961 GGTGCTCAATCTGAATTTATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGAT 1013
Qy 919 ACTTACCTTGAATTAATTAATTAAGCAATTTATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTT 978
Db 1014 AAGCCCTAATTAATTAATTAAGCAATTTATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1073
Qy 979 CTATGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1038
Db 1074 TTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1133
Qy 1039 AATCGTTAGTTGATTTGCAATTTGCAATTTGCAATTTGCAATTTGCAATTTGCAATTTGCA 1097
Db 1134 TTTTTCACGACGATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1193
Qy 1098 AATTATTAATGAGAAAGCAAGCTCCACCAACAACAAATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1157
Db 1194 TAGGTGTTTGGAAATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1253
Qy 1158 CTATTAAGTTCAATTTGATTTGCAATTTGCAATTTGCAATTTGCAATTTGCAATTTGCA 1217
Db 1254 TATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1313
Qy 1218 ATATCTTACATTTATTAATTTGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1277
Db 1314 TAAATTTAGTAATTTGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1373
Qy 1278 ATATTCAGCTGGGGGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1337
Db 1374 TACAGCAGATCTGGGCAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1433
Qy 1338 AAAAAAGCTGTAAACCAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1397
Db 1434 TCTTAAACCAAGAGAAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1493
Qy 1398 TCAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1457
Db 1494 TCAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1517
Qy 1458 TATATTTATTAACGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1517
Db 1539 TAAAACTCAAGTGTATGCTGCTGGAACACCTGATGTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1598
Qy 1518 ATCAGATTAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1577
Db 1599 TTATATCAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1658

```

```

Qy 1578 TAAATTAATTTGAAAGCACTGCTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1637
Db 1659 TAAATTAATTTGAAAGCACTGCTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1715
Qy 1638 GCGTTTAAATTTGAAAGCACTGCTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1697
Db 1716 TTTTCAAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1772
Qy 1698 ATAGCTCAAAATTTGAAAGCACTGCTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1757
Db 1773 TTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1831
Qy 1758 AATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1817
Db 1832 TTTTCAAAATTTGAAAGCACTGCTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1889
Qy 1818 ACAAATTTGAAAGCACTGCTGATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1877
Db 1890 AATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1949
Qy 1878 AATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1934
Db 1950 AATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2009
Qy 1935 TAAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 1994
Db 2010 TAAATTAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2069
Qy 1995 AGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2054
Db 2070 AGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2129
Qy 2055 TATTAAGCACTGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2085
Db 2130 ATGAAATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2160

```

RESULT 2
PCT-US94-07902-27
Sequence 27, Application PC/TUS9407902
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road
APPLICANT: City: San Diego
APPLICANT: State/Province: California
APPLICANT: Country: US
APPLICANT: Postal code/zip: 92121
APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991
TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
NUMBER OF SEQUENCES: 31
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: FL
COUNTRY: USA
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79

TELECOMMUNICATION INFORMATION:
 TELEPHONE: 904-375-8100
 TELEFAX: 904-372-5880
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 27:
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 LENGTH: 3543 base pairs
 TYPE: nucleic acid
 STRANDEDNESS: single
 TOPOLOGY: linear
 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 PCT-US94-07902-27

Query Match 15.9%; Score 331.4; DB 6; Length 3543;
 Best Local Similarity 53.8%; Pred. No. 3.3e-56;
 Matches 856; Conservative 0; Mismatches 697; Indels 38; Gaps 7;

499 TATATAAGCTATTTACTACCTATTTATGCGAGCTGTAATTTTCAATTTAAATTTATA
 558
 604 TATATACATCTAGATTTATCTAGTTATGACACAGCAAACTTACATCTGATGATTA
 663
 559 CAACAGCTGCTGAATGGCTGATGAAATGAGATGATATGCTTCCATCAATTTGAA
 618
 664 AATCAACCCGTCATTAATTTGAAGCTATTTAAAAACAATCGAATTCGATTTATTTAG
 723
 619 CCTATGCTGGAATCATGATGATATTTATTAACCTTTTAAAAAGAAAATATACCTAAAT
 678
 724 CTTTGGC---AACGCAATTTGATTTATATTCAGATTTAGCTAAGCTATTAAGAAATTC
 780
 679 AGTAACTATTTGTCGAATTAATCTATGAGAGAGACTAAATTAATCTCGAAACGATTA
 738
 781 ACTATATTTGTTGTAACACTTAATTAAGAAATTTAAATTTAAATTAAGAACCCCTGAT
 840
 739 ATGAGATGAGATATTTATGATTTATGAAATATGATATGATTTACTGTTATTTGATAC
 798
 841 AGTATCTTGATGAGAAATATTAATCTGGAACACATACATAGATGATCGAACAATATGAT
 900
 799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGATATCAAGATTAATGATGAGAGAAATGAT
 858
 901 ACTGCTATTTAGATCTTGTTGCACTCTTCTTAATTTATGATGATGATTAATTCATTA
 960
 859 GGCATTTAACTGAACTTACAGAGAAATTTATCACTGAATTAATTTTGAACCGCTT
 918
 961 GGTGTCCATCTGAACTTACGAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATCTTGAAGA
 1013
 919 ACTTACCTGAAATTAACCAATCTGCTATTAATGAAATTAATTAATTAACGCTTCAAGG
 978
 1014 AAGCCCTATTAATTAATGATCTTCAATATCAAGAGATTCACCTTACACCTAGACGCA
 1073
 979 CTATGATTTATTTGATTTTATGAACTTATATTTTATTAACAATAAATGAAACGATCGG
 1038
 1074 TTTATTTACTTGGCTTGAATTTTGAATTTTGAATAAAGCGCAACTACTCTTAATTA
 1133
 1039 AATGCTTATGTTGATTTGCAATCTGATATGATCTACTT-ATGCTACGACAGAGATGA
 1097
 1134 TTTTTCACAGCCATTAATATATGTTTTCATTAACACTTATATATATATCCAAAAATC
 1193
 1098 AATTATATGAGAGAAAGACAGGTCACCAACCAAAAACTTAAATCAATTTGAATC
 1157
 1194 TAGGTGTTTGAATATCAATATGATTAATTAATTAATTAATCTGTTGGTGGCAACAA
 1253
 1158 CTATTAAGTTCAATTTGATGATGATGACAGTAACTCTTCTTCCCTTTTCTTAACAT
 1217
 1254 TATTTATATTTTATTTATTAATGATCAATGCTTATGATTAATTAATTAATTAATTA
 1313
 1218 ATATCTTACATTAATCAATTTGAATCTTATTTAAATTAATTTACCTAGATTAATTAAT
 1277
 1314 TAAATTTATGTAATTAATGATTTTATTAATTAATGATGATGATGATTTTGGAGAAAGAT
 1373
 1278 ATATTCAGCTGGGGGAAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTTCTCT
 1337
 1374 TACAGCAGGATCTGGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTCTGGGTTAC
 1433
 1338 AAAAAAGAGCTGAACCAATTTAATCAAAATTTGTTACCAAGCTAATTAATTAATTAAT
 1397

1434 TCTTAAACCAAGAGAAATCAAGCAATCCCTACCCCTTTTCCAAATATGATTAATTAATG
 1493
 1398 TCAATTTTATCCAGATTTCTTATTTATTAATTTATCTATTAATTAATTAATTAATTA
 1457
 1494 TCAATTTTATCCATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 1538
 1458 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 1517
 1539 TAAATCTAAGATGATATGATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT
 1598
 1518 ATCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 1577
 1599 TTAATACATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 1658
 1578 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 1637
 1659 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 1715
 1638 GCGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 1697
 1716 ---TTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 1772
 1698 ATACGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 1757
 1773 TTAATGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 1831
 1758 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 1817
 1832 --TAGCAGAACTGGGATGAGCACTCAACCCCACTTTTCTGTTGATTAATTAATTA
 1889
 1818 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 1877
 1890 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 1949
 1878 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 1934
 1950 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 2009
 1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 1994
 2010 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 2069
 1995 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 2054
 2070 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 2129
 2055 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
 2085
 2130 ATCAAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
 2160

RESULT 3
 US-09-224-024-30
 Sequence 30. Application US/09224024
 Patent No. 6056953
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Leslie Hinkle
 APPLICANT: Jewel Payne
 TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
 TITLE OF INVENTION: Calliphoridae Pests
 NUMBER OF SEQUENCES: 31
 CORRESPONDENCE ADDRESS:
 ADDRESSEE: David R. Saliwanhik
 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
 CITY: Gainesville
 STATE: FL
 COUNTRY: USA
 ZIP: 32606
 COMPUTER READABLE FORM:
 MEDIUM TYPE: Floppy disk
 COMPUTER: IBM PC compatible
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/09/224,024
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/856,226
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 904-375-8100
TELEFAX: 904-372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 30:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 2061 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-09-224-024-30

Query Match 7.6%; Score 158; DB 3; Length 2061;

Best Local Similarity 48.3%; Pred. No. 4.3e-22;

Matches 999; Conservative 0; Mismatches 895; Indels 174; Gaps 13;

QY 2 TGTGTCAAGGGAATACACAAATATGTGATTAATTCGAGACATTTGCTAGTGCATGACAA 61
DB 149 TGTGTCAAGGGAATACACAAATATGTGATTAATTCGAGACATTTGCTAGTGCATGACAA 208
QY 62 TTGCTGAGTTAGTGCAGTACTATTTGATCCGCTACTGTTAGCCGCTATAGTGAGG 121
DB 209 TTGTTGAGTTAGTGCAGTACTATTTGATCCGCTACTGTTAGCCGCTATAGTGAGG 268
QY 122 TCACCTTAATATCCGACCCGATAGGAATTAATAGTGTCTAATATATCTTTTGTGATCC 181
DB 269 -----CTGTCTTAGCTGACGATATATATCTTTTGGGACTT 304
QY 182 TAATCACTGTCTTTTGGCCGGGGAGAACAAAGCAATATGACAAATTTA 241
DB 305 TGTGTCCGATCTTTTGGCAAGATCTGACCTG---CAATGTTTGGCAGAGATTTGTTAA 361
QY 242 AAATGGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATTAACAGTTAAAGTTAC 301
DB 362 ACATCGAGAGAGCCCTATACAGAAATATGATTAATAATTAATAGTACTAATT--- 418
QY 302 AAATCTTAGAAGATTTAGCAAAATATTAACAAGCTTAATATACGACTTATGATGATTGA 361
DB 419 ---CTATCGTMACCTCTATTAATAATCACTTGATTAATATCAAGAAATTTTTCGATTAAT 475
QY 362 GAAATTAATAAAGCTACAGCTCTGATTTACACATCATCATGCACTTTCACAAACACTG 421
DB 476 GGGAGCCAGACGTACACAGCTATGCTTAAGCAGTA-CATGATCTCTTTACTACCTTA 534
QY 422 CCTGACTCTTAATAATGCAATTTGAGATGTTCACAATGATTTTATTCGAAATATACCTG 481
DB 535 GAACCTTAATATAGTAAAGATTTAGATATGTTAAAA----- 571
QY 482 GTTTCACACTGGAATCTTAATAACGCTATTTACTACTATTTATGCGAAAGCTGTAAT 541
DB 572 -----ATAATGCTAGCTATGCAATACCAACACTCCCTGCAATAGCAAAATAGCTACTT 625
QY 542 TTGATTAATAATTTATTAACAAGGTGCTGATTTGGCTGATGATGGAATGCAATATAC 601
DB 626 GGCACCTTGAATTTATTAACATGCTGCTACCTTAATTAACAATATATGCTGCAAAATAC 685
QY 602 ATCTTCACAAATGGAATCTATGCTGGAACATCATGATGATCTATTAATACTTTTAAAG 661
DB 686 GT-----ATTAATCCAAAGTACTTTCAATTCATCTAATTAATCAAGGCTATTTAAAC 739
QY 662 AAAATATACCTAAATATATGTAATCTATTTGTGCAAAATACCTTATAGGAAGACTAAATAAC 721

DB 740 GTAAATATACAGAAATATGTAATCTATTTATACAAACGTACATGACGACTAATATGA 799
QY 722 TTGGAACGACCTAATATATGATGATGATATTTATGATTTATGCAAGTATATATACATA 781
DB 800 TTGAACCTAATATATGCAACATGGAATATGATATATCTTACCGTTTGAATATATCTC 859
QY 782 TTACTGATATGATATATATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATTAAGATACAAAGATT 841
DB 860 TAATGTTGATATCTTATTTGCTATTTTCCAAATATATGACCCAGAAAAATA----- 911
QY 842 CAATAGGAAGATAGTGGCATTAAACTGAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAAA 901
DB 912 -----TCCAAATAGAGTTAAATCTGAACCTTACAGAGAAAGTTTATACAAATGTTA 961
QY 902 TAAATTTAGACGCTTACTTACCTGAATTCGAATCCCAATCTGCTATATATGGAATATA 961
DB 962 -----ATTGAGATACATTTTGAACCATATACAGAACTAGAAA 997
QY 962 ATTAAACAGTTCAGGCTTATGATATTTTCAATTTTATGATGAACTTATATTTATATACA 1021
DB 998 ATGATTTAATCAAAATCTACATTAATTTATCTGATTAACCAAGGCGCTTTTATACCAA 1057
QY 1022 AAATGAACGTTACGGGAATCGTTTATGTTGATATCCGAATCTTAATATGATCTATATG 1081
DB 1058 GAATTTCTGAGACATTTCTTGATCTTATGATATTTTCTTTTACAGGTAACCAAGATGG 1117
QY 1082 CTACGACAGGAATGTAATTTATATATGAGAAAGAAAGAGGTCCACCAACAAAAACTT 1141
DB 1118 CTTTACACATTAATTAATGATGATGCAACATATCTGGGAGCGCTTATGACATATTA 1177
QY 1142 TAATACATTTGATCTTATTAAGTTTCAATTTGTAATGATATGACAAAGTAATCTTACTT 1201
DB 1178 TTTCCTAAGACATCAAAAGTATTTCTTTTATATGAAAACAAACCTATGATAGAGTGC 1237
QY 1202 CCCCTTTTCTCAATATATCTTATCAATTAATCAATTTGAACCTTTATTAATTAATTCAC 1261
DB 1238 AAATTTGACAGCATAGAGTACTCATATATATATATGAAATATTTTTCGAATA 1297
QY 1262 CTAGTATATAATTAATATATATGCTGCGGGGGAATTTATCTATATGATTAATAAACAATG 1321
DB 1298 GCAATGATATTTGATTTATCTCAATTTCAACATGAAATTAATTTATTAAGAACTG 1357
QY 1322 ATTTTCATTTCTCTGTAATAAAGAGCTGTAACCAATTAATTTATCCAAATTTGTTTACA 1381
DB 1358 ATCTTATATATGATCCAAAACAAACATGGAATAAAGATATGTCATATCTATTCGT 1417
QY 1382 GCTATATATGATATGCTATATTTATCCAGTTTCTTTATTAATTAATTTCTATTAATA 1441
DB 1418 ATATTAATACTGATTAATTAATATATTTTC----- 1445
QY 1442 TTGGAATTAAGCGCTAATATATTTATATACAGTGCATTTAGATGAGACACAGATGTTA 1501
DB 1446 -----AGTATTAAGAGAAAGAAAGAGTTCATTTAGTTGACACATCTAGAGTTG 1498
QY 1502 ATGAATATATGCAATATACATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1561
DB 1499 ATTTCCAAAATACATATGATTTAGATTAATCAATCCAAATTCACGCTCTTAAGCTTTGA 1558
QY 1562 GTCTGATACAACTCTAAGGTAATGGAAGACCTGCTATACAGAGGAAACTTGGTTT 1621
DB 1559 AGGTATGTTCTGATTTGAAAATTTGTAAAGTCTGCTGTCACACAGGTGAGACTTGGTAA 1618
QY 1622 ATTACAAAGTCAAGGCGTTTATGAGATTAATCATGTGAAGTCTCTAATTTGACAAATCTT 1681
DB 1619 TTCTTAAGATATGATATGATTTTATGATTAATTTTAAATAATGTTTTCGCAAAAT--- 1675
QY 1682 ATTAATTAAGACTTCATACGCTACAAATAGTGTGGAATAATCTCTTCTTAATATATCTC 1741
DB 1676 ATCAAGATGATATTTGTTATGCTATATATGCTCAAAAGCAACAGTA--TTCTTAACCG 1733
QY 1742 TTACATTAACGAGATATATGGAATATCACCTTACAGACTCAACAACTTTTTCGTGATA 1801

Db	1734	AATGATCTTAATAGTGTGGAGCTCCCTTAAGTACCACTTCGGCGAAAAC-----C	1783
Qy	1802	CAATTTATTAATTTTACAAATACGAGACTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAACTACAGT--	1859
Db	1784	CAAAATGCTACGATTTTAACTATATCGAGATTTTGGATATGTACACTTTCCAAAGAACAGTTC	1843
Qy	1860	-----AACCTTACCTTTAAATCGAAACATACCACTTATATTTTATATCGTACAGATGTAT	1912
Db	1844	CAATTAATAAACATTTGAAGAGAGAACACTTTATTATATGACCTTATATATGTATACCAAAATC	1903
Qy	1913	CAAAATTCAAATTTTATCATTTGATATAAAATTTGAAATTTATACCAATTTACTCTGTAGACC	1972
Db	1904	ATTCATATTAATATATATATATTTGACAAAAATCGAATTTTATTCCAATCACTCAAACTGTATTAG	1963
Qy	1973	AAAAATAGAAAAAATAAAATTTAGAACTATCCAAACCAAAATTAATATACATTTTTCACAA	2032
Db	1964	ATTATACGAGAGACCAAAATATATAGAAAAAACACAGAAATATGTGAATGATTTATTTGTTA	2023
Qy	2033	ATCATACAAAAAATCTTTAATATATAGA	2060
Db	2024	ATTAAACAAAGTTCCTAATAAATAGA	2051

```

1 RESULT 4
2 PCT-US94-07902-30
3 Sequence 30 Application PC/TUS9407902
4 GENERAL INFORMATION:
5 APPLICANT:
6 APPLICANT: Street address: 4980 Carroll Canyon Road
7 APPLICANT: City: San Diego
8 APPLICANT: State/Province: California
9 APPLICANT: Country: US
10 APPLICANT: Postal code/Zip: 92121
11 APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030 Fax number: (619) 453-6991
12 APPLICANT: Telex number:
13 TITLE OF INVENTION: Materials and Methods for the Control of
14 NUMBER OF INVENTION: Calliphoridae Pests
15 NUMBER OF SEQUENCES: 31
16 CORRESPONDENCE ADDRESS:
17 ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
18 STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
19 CITY: Gainesville
20 STATE: FL
21 COUNTRY: USA
22 ZIP: 32606
23 COMPUTER READABLE FORM:
24 MEDIUM TYPE: Floppy disk
25 COMPUTER: IBM PC compatible
26 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
27 SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
28 CURRENT APPLICATION DATA:
29 APPLICATION NUMBER: PCT/US94/07902
30 FILING DATE:
31 CLASSIFICATION:
32 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
33 NAME: Saliwanchik, David R.
34 REGISTRATION NUMBER: 31,794
35 REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA79
36 TELECOMMUNICATION INFORMATION:
37 TELEPHONE: 904-375-5800
38 TELEFAX: 904-372-5800
39 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 30:
40 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
41 LENGTH: 2061 base pairs
42 TYPE: nucleic acid
43 STRANDEDNESS: single
44 TOPOLOGY: linear
45 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
46 PCT-US94-07902-30

```

Query Match	7.6%;	Score 158;	DB 6;	Length 2061;
Best Local Similarity	48.3%;	Pred. No. 4.3e-22;		

Matches 999; Conservative 0; Mismatches 895; Indels 174; Gaps 13;

QY	2	TGTGTCAAGGAAATACCAATATAGTGTATTTTCGAGACATTTTGCTAGTCTGATACAA	61
Db	149	TGTGTCAAGATATCAACAAATATATGCAATATATGCGGGAAATTTTGTATGTTCTGAAC	208
QY	62	TTGCTGCAGTTAGTGCAGTACTATTGTATCCGTACTCTGTAAACCGGATATAGTGGC	121
Db	209	TTGTTGGAGTTAGTGCAGATATTTATTTGATGAGAACATATGTATGAGACTTTTCTGCCC	268
QY	122	TCACCTTATATCCGAGCCATAGGAATTAATAGTGTCTATATATATCTTTTGTATACC	181
Db	269	-----CTGTCTTAAGCTGAGGTATATATCTTTTGGAGCTT	304
QY	182	TATACACTGTCTTTTGGCCCGGGAGAACAAAGCAAAACAGTATGACACAAATTTATTA	241
Db	305	TGTTGCCGATCTTTTGGCAAGATCTGACCTG---CAAAATTTGGCAGAGATTTGTTAA	361
QY	242	AAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATAAAACGCTAAAGTTAC	301
Db	362	ACATCGAGGAGAGCCCTATACAAAGAAATATAGATTAATAACATATTAATATGTAAC	418
QY	302	AACTTTATGAAAGTTTATGACAAATATTTACAACTATTAATATACGACATTAAGAT	361
Db	419	---CTATCGTACACTATATAAAAAATCACTTGATTAATATCAAGAAATTTTCGATTAAT	475
QY	362	GAAATTTAAAAAGACTCAAGCTCCTGATTTACCAACATCATCATTAACAAAGCTG	421
Db	476	GAGAGCCAGCAGTACACAGCTTAATGTAAAGCAGTA-CATGATCTCTTTATCACTTA	534
QY	422	CTTTGACTCTTAAAAATACGATTTGAGAAATGTTCCAAATGATTTTATTCGAGAAAT	481
Db	535	GAACTTATTAATAGTAAAGATTTATGATATGTTAAAA-----	571
QY	482	GTTTCCAACTGGAACCTATPAAAACGCTATATACCTATTTATGCGCAAGCTGATTT	541
Db	572	-----ATATCTAGCTATGGAATACCAACATCTCCTGCAATATGCAAAATAGCTACT	625
QY	542	TTCAATTTAAATTTATTAACAACAAGTGTGTAATTTGGCTGATGAATGGAATGCAATATAC	601
Db	626	GGCACCTGAATTTATTTAAACATCTGCTACTCTTTCAAATATATGCGTCAAAATCAAG	685
QY	602	ATCCTTCACAAATGGAACCTAATGCTGGAGATCATGATAGTACTATTTATTAACCTTT	661
Db	686	GT-----ATTAATCCAGTATCTTTCAATTTATCTTAATATCTATCAACGGGCTATTTAAAC	739
QY	662	AAATATATACCTAAATATATATGTAATCTATTTGTGCAAAATACCTATATGAGAAAGCTAATATAC	721
Db	740	GTAAATATACAAAGATATATATGATCTATTTGTATATGACAAAGTAAAGCAAGCACTAATATG	799
QY	722	TTGCAAAACGAACCTAATATATGATGAGATATTTAATGATTTATGCAAGATATATGACTA	781
Db	800	TTAGAACTTAATATACCAACGCAACAGGAATATGATTAATCTTACCGTTAGAAATGACTC	859
QY	782	TTACTGTATTAAGTACTATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATGAAGATATACAAAGTT	841
Db	860	TAACTGTATTAAGTACTATTTCTTATTTTCCAAATATATGACCCGAGAAAATA-----	911
QY	842	CAATAGGAAGATATAGTGCATTTAAACCTGAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGA	901
Db	912	-----TCCAAATAGAGTATTAATCTGAACTTTACAGAGAGATTTATATGCAATGTTA	961
QY	902	TAAATTTTGAACCGTCTTACTTACTTGAAATTCAAACCAATCTGCGTATATATGAAATTA	961
Db	962	-----ATTCAGATACCTTTTGAACCACTAACAGAACTAGAA	997
QY	962	ATTTAACAGTTCAAGGCTTATAGATTTATTTTCATTTTATAGATGAACCTTATATTTTATACAA	1021
Db	998	ATGATTTAATAGAAATCTCACTTATTTACTTGTATATTAACCAAGGCGGCTTTTATACAA	1057
QY	1022	AAATATGAAAGCTAAGCGGAATCGTTTATGTTAGTATTTGCAATCTGATATATGATCTTATAG	1087
Db	1058	GAAATCTCGAACAATCTGATCTTATATGATATTTTCTTTTATACAGTATACAGATAGG	1117

```

QY 1082 CTACGACGAGAACTGAAATTTATATATGAGAAAGAACGCTCCACCAACAAAACTT 1141
DB 1118 CCTTTACACATACATTAAGATGATCGCAACAATCTGGGGAGCGGTCATGACATATTA 1177
QY 1142 TAATACATTTGATCCTATTAAGTTTCAATGTAACTGATGACAGTAACCTCTACTT 1201
DB 1178 TTCTCTACAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAAACAAACCTATGATAGGTG 1237
QY 1202 CCCCTTTCTCAATCATATACCTTTTCAATTAATCAATTTGAACCTTATTTAAATTAATTCAC 1261
DB 1238 AAATGTGACAGACATAGAGAGTACAGATTAATATATGAAATGATATTTTTCGATA 1297
QY 1262 CTAGTAATTAATTAACATTTACGCTGGGGGAAATTAATCTATGATGATAAAAAACTG 1321
DB 1298 GCAGTGAAGTATTCGATTTTCATCCAAATTCACAAATGAAAAATTAATTAAGAACTG 1357
QY 1322 ATTTTCATTTCCGTGTAATAAAGACGTAAACCAATTTAATCCAAATTTGTTACCA 1381
DB 1358 ATTTCTATATGATTCGAAACCAATGAAATAATGAAATATGATGATCTATGCT 1417
QY 1382 GCTATTAATGTTATAGTCATATTTTATCCGATTTCTTTATTTAATTTCTATATAA 1441
DB 1418 ATATTAATACTGATTAATATATATTTTC----- 1445
QY 1442 TTGGATTAGCGCTAAATATATATATACAGGTGATTAAGATGACACAGATAGTCTTA 1501
DB 1446 -----AGTAGTTAGAGAAAGAAAGAGTGTGATTTAGTGAACATAGTGTG 1498
QY 1502 ATGAAATTAATGCAATTCAGATTAATAATTAATTAATGATCCGACATGAAAGGTACA 1561
DB 1499 ATTTCCAAATTCATATGATTTTATGATTAATCATCCAAATTCACGCTCTTAAGAACTTTGA 1558
QY 1562 GCTCTGATACAACTCTAAGGTAAATGGAAGACCTGTGTCATACAGAGAACTTGTTT 1621
DB 1559 AGGTAACTGATTCGATTCGAAATGTAAGAGTCTGTGTCACAGGTGAGAGACTTGTTA 1618
QY 1622 ATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTGAAGATTCATGTAAGTCACTCTTAATTTCAACATCTT 1681
DB 1619 TTCTTAAGATAGTATGATTTTGAATTTTGAATTTTAAATAATGTTTCTCGACAAAT--- 1675
QY 1682 ATTAACATTAAGCTCGATGATGCTCAAAATGAGTGTGAAATTAATCTCTAATATATCTC 1741
DB 1676 ATCAAGTACGTATTCGTTATGCTATGCTCAAAAGACAAACGTA--TTCTTAACCGG 1733
QY 1742 TTACAAATACAGAGTAAATGGAATACCACTCAACGATCAACACATTTTCTGTA 1801
DB 1734 AATGATACATATAAGTGTGAGCTCCCTAGTACCACTTCCCGCAAAAC-----C 1783
QY 1802 CAATTTTAATTAATTTCAATACGGAATTTGGGTAATTTCAATTTCCAAATGACGT-- 1859
DB 1784 CAATGCTACAGATTTTAAATGCAATTTTGGATATGTAACATTTCCAAAGAACATGTC 1843
QY 1860 -----ACATTTACCTTTAAATGGAACCAATACATTTAATTAATTCGTCGAGATGAT 1912
DB 1844 CAATTAACATTTGGAAGAGAGACACTTATTAATGACCTTAATGATGACCAATC 1903
QY 1913 CAATTCATTTTAAATGATGATTAATTAATGATTAATCAATTTCTCTGTAGCC 1972
DB 1904 ATTCATTAATTAATTAATTAATGACAAATCGAATTTATTTCCAACTCACTCATCTGATTA 1963
QY 1973 AAAATGAGAAAAAAATTTGAAACCTATCCAAACAAATAATTAATTAATTTTCAAA 2032
DB 1964 ATTAATACAGAGAAACAAATAATGAAAAACACAGAAATATGTAATGATTTATTTGTA 2023
QY 2033 ATCATACAAAAAATCTTTAATATAGA 2060
DB 2024 ATTAACCAAGTTCTTAATTAATAGA 2051

```

RESULT 5
 US-08-315-468-3
 ; Sequence 3, Application US/08315468
 ; Patent No. 5534534

```

? GENERAL INFORMATION:
? APPLICANT: Michaels, Tracy Ellis
? APPLICANT: Foncecerra, Luis
? APPLICANT: Narva, Kenneth E.
? TITLE OF INVENTION: Process for Controlling Scarab Pests
? TITLE OF INVENTION: with Bacillus thuringiensis Isolates
? NUMBER OF SEQUENCES: 6
? CORRESPONDENCE ADDRESS:
? ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
? STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
? City: Gainesville
? STATE: FL
? COUNTRY: USA
? ZIP: 32606
? COMPUTER READABLE FORM:
? MEDIUM TYPE: Floppy disk
? OPERATING SYSTEM: IBM PC compatible
? SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
? CURRENT APPLICATION DATA:
? APPLICATION NUMBER: US/08/315,468
? FILING DATE:
? CLASSIFICATION: 424
? PRIOR APPLICATION DATA:
? APPLICATION NUMBER: US/08/014,941
? FILING DATE: 01 FEB 1993
? APPLICATION NUMBER: 07/828,430
? FILING DATE: 30-JAN-1992
? PRIOR APPLICATION DATA:
? APPLICATION NUMBER: 07/808,316
? FILING DATE: 16-DEC-1991
? ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
? NAME: Saliwanchik, David R.
? REGISTRATION NUMBER: 31,794
? REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA73.C2
? TELECOMMUNICATION INFORMATION:
? TELEPHONE: 904-375-8100
? TELEFAX: 904-372-5800
? INFORMATION FOR SEQ ID NO: 3:
? SEQUENCE CHARACTERISTICS:
? LENGTH: 3507 base pairs
? TYPE: nucleic acid
? STRANDEDNESS: double
? TOPOLOGY: linear
? MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
? HYPOTHEICAL: NO
? ANTI-SENSE: NO
? ORIGINAL SOURCE:
? ORGANISM: Bacillus thuringiensis
? STRAIN: kumamotoensis
? INDIVIDUAL ISOLATE: 50C
? IMMEDIATE SOURCE:
? LIBRARY: lambdaGem-11(cmv) library of L. Foncecerra
? CLONE: 50C(b)
? US-08-315-468-3

```

Query Match 4.4%; Score 92.6; DB 2; Length 3507;
 Best Local Similarity 44.7%; Pred. No. 3.5e-09;
 Matches 683; Conservative 0; Mismatches 784; Indels 60; Gaps 6;

```

QY 429 TCTTAATAATGATTTGAGAAATGTTCACAATGATTTTATTTGAGAAATCTGGTTTCCA 488
DB 504 TGTTCAAATTCGATTTGAAATCTGATAGTATTAATTAATGCAATATATGCAATCTTTG 563
QY 489 ACTTGAACCTTAATAACGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 548
DB 564 AGTGAACAAATTTGAAAGTACCAATTCCTTAAGATATTAATTAATTAATTAATTAATTA 623
QY 549 AAATTTATTAACAAGTGTGATTAATTTGCTGATGATGAAATGACATATACATCTTTC 608
DB 624 ACTTTATTAAGGAGCATCAATTTTGGAGAGAAATG----- 663
QY 609 ACAATTTGAACCTTAATGCTGGAACATCAATGATGATTAATTAATCTTTAAGAAAAATAT 668

```

Db 664 -----GGATTGCTAAGACACATTAATACTATATATGTCAAAGAACTTAC 715
 Qy 669 ACCTAATATATGTAATTTGTGCAAAATCTATATAGAGAGACTTAATTAATCTCGAA 728
 Db 717 TGCGAATATATCTACACCTGTGTAAAGTGTATGAACTGTGTAGCAAAATTTAAAGG 776
 Qy 729 CGAATCTAATATGATGAGATATTTATGATATGAGATATATGATATGATATGATATG 788
 Db 777 CTGAGAGCTTAAACATGATGATGATATATACCAATTCCTGATGAGAAATGACATGAG 836
 Qy 789 ATTAGATATATCTGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATACAAAGATTCATAG 848
 Db 837 GTTAGAGCTGTGTGATATTTTCAAACTATGATACGGTACGT-----ATCAGCTGGC 890
 Qy 849 AAGATATGATGCTTAAACCTGAACTTACAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTT 908
 Db 891 AACAAACGCTACGCTTACAGGAAATATATACAGATCCATGCGCGGTATGATGCC 950
 Qy 909 TGACCGCTTACTTACCTGAAATTCACCAATCTGCTATATGAAATTAATTTTAC 968
 Db 951 TAAATATGCTCTGATATGACAAAGACCTTTCTTCAAGAAATAGAAAAAGCGGCTAT 1010
 Qy 969 ACCTTACAGGCTTATATTTTCAATTTTATGATGAACTTATTTTATACAAAAATGA 1028
 Db 1011 TCGTCCACCTCATG---TGTTGATATATATACGGGACTCACAGTTTATCAAAAAACG 1067
 Qy 1029 AACCTACGGGAATGCTTATGTTGATATGCAATCTGATATATGATCTATATGCTAC 1088
 Db 1068 TAGCTTCACT--TCTGATCGTTATATGATATGATGCTGCTGCTCATCAATTAAGCT 1125
 Qy 1089 AGGAATCGAATATATATGAGAAAGAACAGTCCACCAACAAACAACTTTATATCC 1148
 Db 1126 CATATCGGTAGAGATGATCTTTTACACAGATATATGAAACCAATCAAAATTTCAAG 1185
 Qy 1149 ATTGAATCTTATTAAGTTTCAATTTGTAATGATGACAAAGTCTTATCCCTTT 1208
 Db 1186 ACTAGCAATTTGATTTTACGATTTACGATTTTACAGATCTTATCAAAATGATGAGTA 1245
 Qy 1209 TCTTACATATATCTTATACATTAATCAATTAATCAATTTATTTAAATTAATCACT 1268
 Db 1246 CTCCTGATATATGTTTACCTGTTATATGATATCAATTTTGGATATCCAGAAACGAG 1305
 Qy 1269 TAAATTAATATATCAGCTGGGGGAATTTATATATGATATTAATTAATTAATGAT 1328
 Db 1306 TTTTATATGATATCAATTAATTAATTAATCAAGAAAGCTTATTAACCAAGCTTCC 1365
 Qy 1329 ATTTCCTTAAAAAAAGCTTAAACCAATTAATTAATCAATTTTATCAAGCTATTA 1388
 Db 1366 AA----AGATATATATATGATGAGCAAGATTTGGAATTTGATTTGCTCCAGAACTTC 1421
 Qy 1389 TAGTATATGATATATTTATCCAGTTTCTTATATTAATTTCTTATTAATTAATGAT 1448
 Db 1422 AGGTCAACCAATTAATGAGATATATGATATGATATGATATTAATTAATTAATTAAT 1481
 Qy 1449 AGGCTAATATATATATATATAGAGTATGATATGATATGATATGATATGATATG 1508
 Db 1482 CAGTTCAATGACAGATATGATATGATATTTCTTGAACATCGAGATGAGATCTTAC 1541
 Qy 1509 TAAATCAATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1568
 Db 1542 AATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1601
 Qy 1569 TACAAATCTTAAAGTATTAAGAGCTGTGATATCAAGAGAGAACTTGTTTATTTTCA 1628
 Db 1602 CAGAAATCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1661
 Qy 1629 AAGTCAAGGGGTTAGAGATTAATCAATGATATCTTAATTTCAATCTTATTAATTA 1688
 Db 1662 GGACCGCATCGGAATGATGATTTCAATGATCTTTTCAAGATTTCAAGATTTCCGAT 1721
 Qy 1689 TAGACTTGATATCGTCAAAATGATGATGATATCTTCTTATATATATCTTATCAAT 1748

Db 1722 TCGATTCGTTACGCTTCTTATATGAACTAGTATA-----TTAGTTT 1763
 Qy 1749 ACCAGAGTATATAGAAATATACCTCAACGATCAACAACTTTTCTGTATCAAAATTA 1808
 Db 1764 ATACGACTAAACCAAGCGGAACTTTAAATTAATTAACCAAGATATTTTAAATTA 1823
 Qy 1809 TAAATATTTCAATATACGAGATTTTGGTATTTTCAATTTTCAATTTTCAAGTATCA 1868
 Db 1824 AATGATTTTAAATATATATGATTTTCAATATATATGATATCAAGATTTTCAATTA 1883
 Qy 1869 TTTAATCGAAACAT 1928
 Db 1884 TGCTTTTCAAAATATACAGAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1943
 Qy 1929 CATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1955
 Db 1944 TTTAGACCAATGCAATTCATCCAGT 1970

RESULT 6
 US-08-349-867-22
 ; Sequence 22, Application US/08349867
 ; Patent No. 5508264
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Bradfisch, Gregory A.
 ; APPLICANT: Thompson, Mark
 ; APPLICANT: Schwab, George B.
 ; TITLE OF INVENTION: No. 5508264el Pesticidal Compositions
 ; NUMBER OF SEQUENCES: 34
 ; CORRESPONDENCE ADDRESS:
 ; ADDRESS: David R. Saliwanichik
 ; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
 ; CITY: Gainesville
 ; STATE: FL
 ; COUNTRY: USA
 ; ZIP: 32606
 ; COMPUTER READABLE FORM:
 ; MEDIUM TYPE: Floppy disk
 ; COMPUTER: IBM PC compatible
 ; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 ; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25
 ; CURRENT APPLICATION DATA:
 ; APPLICATION NUMBER: US/08/349, 867
 ; FILING DATE:
 ; CLASSIFICATION: 514
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 ; NAME: Saliwanichik, David R.
 ; REGISTRATION NUMBER: 31,794
 ; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86
 ; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
 ; TELEPHONE: 904-375-8100
 ; TELEFAX: 904-372-5800
 ; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
 ; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 ; LENGTH: 3444 base pairs
 ; TYPE: nucleic acid
 ; STRANDEDNESS: single
 ; TOPOLOGY: linear
 ; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 ; US-08-349-867-22

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
 Best Local Similarity 53.3%; Pred.No.1.3e-06;
 Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

Qy 436 ATACGATTTGAGATGTTTCAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 495
 Db 388 ATTCGATTTGAT 447
 Qy 496 ACTTATTAACGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 555
 Db 448 AGTTTGAAATCCCTTTTATATGATATATATATATATATATATATATATATATAT 507

QY 556 TTACAAAGAGTCTGAATTGCTGATGATGGAATGACATATATACCTTCCAAATT 615
DB 508 TTAAAGACGCTGATGCTGTTGGACAGGCTTGAGATATAGACTGTTAAAT 567
QY 616 GAACCTAATGCTGGAACATGATGACTATATTAACCTTTAAAGAAAATATACCTAA 675
DB 568 C-----ATTATATATGATTAAATAATCTTATTCATAGA 600
QY 676 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAGAGCTAAATAACTTCGAAACGACT 735
DB 601 TATACGAAACATGTTTGGACACATACATCAAGATTTAGAAAATTAGAGTACTAAT 660
QY 736 AATATGAGTGAAGTATATTTAATGATTTAGAAAGATATATGACTTATCTGATTAGAT 795
DB 661 ACTCGACATGGGCAAGATTCATCACTTAGGAGAGATTAAACACTTACTGATTAGAT 720
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833
DB 721 ATGCTGCTCTTTTCCGAACCTACGATGTTAGAACATA 758

RESULT 7

US-08-349-867-26
; Sequence 26, Application US/08349867
; Patent No. 5508264
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Bradisch, Gregory A.
; APPLICANT: Thompson, Mark
; APPLICANT: Schwab, George E.
; TITLE OF INVENTION: No. 5508264el Pesticidal Compositions
; NUMBER OF SEQUENCES: 34
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
; CITY: Gainesville
; STATE: FL
; COUNTRY: USA
; ZIP: 32606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/349,867
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 514
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Saliwanchik, David R.
; REGISTRATION NUMBER: 31,794
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 904-375-8100
; TELEFAX: 904-372-5800
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 3444 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; US-08-349-867-26

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;

Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 ATACGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATATACCTGTTTCCAACTTGAA 495
DB 388 ATTCGATTTGCTATATACAGACGCTTTATTAACAGAAATATTAATTTTACACTTACA 447
QY 496 ACTTATAAAGCATTACTATCTATTTATGCGCAAGCTGTATTTTCAATTAAATTTA 555

DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTTATGCTGTATGTTCAAGCGCGGAATTTACATTTATACATA 507
QY 556 TTACAAAGAGTCTGAATTGCTGATGATGGAATGACATATATACCTTCCAAATT 615
DB 508 TTAAAGACGCTGATGCTGTTGGACAGGCTTGAGATATAGACTGTTAAAT 567
QY 616 GAACCTAATGCTGGAACATGATGACTATATTAACCTTTAAAGAAAATATACCTAA 675
DB 568 C-----ATTATATATGATTAAATAATCTTATTCATAGA 600
QY 676 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAGAGCTAAATAACTTCGAAACGACT 735
DB 601 TATACGAAACATGTTTGGACACATACATCAAGATTTAGAAAATTAGAGTACTAAT 660
QY 736 AATATGAGTGAAGTATATTTAATGATTTAGAAAGATATATGACTTATCTGATTAGAT 795
DB 661 ACTCGACATGGGCAAGATTCATCACTTAGGAGAGATTAAACACTTACTGATTAGAT 720
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833
DB 721 ATGCTGCTCTTTTCCGAACCTACGATGTTAGAACATA 758

RESULT 8

US-08-239-476-22
; Sequence 22, Application US/08239476
; Patent No. 5527883
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thompson, Mark
; APPLICANT: Schwab, George E.
; TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in
; NUMBER OF SEQUENCES: 34
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:
; ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
; STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
; CITY: Gainesville
; STATE: Florida
; COUNTRY: USA
; ZIP: 32606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/239,476
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Saliwanchik, David R.
; REGISTRATION NUMBER: 31,794
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (904) 372-5800
; TELEFAX: (904) 375-8100
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 3444 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; US-08-239-476-22

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;

Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

QY 436 ATACGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATATACCTGTTTCCAACTTGAA 495
DB 388 ATTCGATTTGCTATATACAGACGCTTTATTAACAGCAATTAATTAATTTTACACTTACA 447

Db	388	ATTCGATTTTGCTAAATACAGAGACGGCTTAAATPAACGACATAAATATTTTACACTTACA	4417
Qy	436	ACTTATTAACCGCTATTTACTACCTATTATATGCGCAACGCTGCTATATTTTCAATTAAATTTA	5555
Db	448	AGTTTGGAAATCCCTCTTTTATATCGGCTATGTTTCAACGCGCAATTTTACATTTATACCTA	5075
Qy	556	TTACAAACAGGTCGTGAATATGGCTGATGAATGGAATGCAGATTTACATCCTTGACAAATT	6115
Db	508	TTAAGAGACGGCTGATTCGTTTGCGCAGGGTATGGGACCTGSAATATACCTACTGTTAAATAT	5675
Qy	616	GAACCTAATGCTGAAACATCAGATGACCTTTTATTAACCTTTTAAAAAGAAATATACCTAAA	6757
Db	568	C-----ATTTAATATGATTTAATTAATCTTATCTTATGACATAGA	6000
Qy	676	TATAGTAACTATTTGCAAAATACCTATAGAGAGACCTAAATTAACCTCGAAACGAACCT	7355
Db	601	TATAGAAACATTTGTTGGACATATACATCAAGGTTTGAAAACTTAAGAGGTACTAAT	6666
Qy	736	AATATGAGATGGAGATATTTATATGATTAATCGAAGATATATGACATTAATCTGATTTAGAT	7955
Db	661	ACTCGACATGGCGCAAGATTCATATCAGTTTACGAGAGATTTAACTACTCTGATTTAGAT	7200
Qy	796	ACTATCGCTCAATTTTCTTTTATGATTAATAAGAGATA	833
Db	721	ATCGTTGCTCTTTTCCGACACTACAGATGTTGAACATA	758

436 ATACGATTTGAGAAATGTTCACAATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTTCCAAC TTGAA 495

US-08-598-305A-22

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;
Molecule Type: DNA (genomic)
US-08-598-305A-26

436 ATACGATTGAGATGTCACAAATGATTTATTTGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGA 495
438 ATTGATTTGCTATACAGACGCTTTATTAACGCAATTAATTAATTTACCTTACA 447
496 ACTTATTAACGCTATTTACTACTATTTATGCGACGCTGCTATTTTCAATTTTA 555
448 AGTTTGAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGGAGATTTACATTTTACTA 507
556 TTACAAAGAGTGTGAATGCGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 615
508 TTAAAGACGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGAT 567
616 GAACCTAATGCTGAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 675
568 C-----ATTATATATGATTAATTAATTAATTTATTTCAATGAGA 600
676 TATAGTACTATTTGCAATACCTATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 735
601 TATACGAAACATTTGTTGACACATACATACATACATACATACATACATACATAC 660
736 AATATGATGAGATATTTATGATTTATGCAAGATATATGATTTACTGTTATGAT 795
661 ACTGCAATGCGGCAAGATTCATCAGTTTAGAGAGATTTAACAATGATGATGAT 720
796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATTAATGAGATA 833
721 ATGTTGCTCTTTTCCGAACTACGATGTTAGAACATA 758

RESULT 11
US-08-598-305A-26
Sequence 26 Application US/08598305A
Patent No. 5827514
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: BRADFISCH, Gregory A.
APPLICANT: THOMPSON, Mark
APPLICANT: SCHWAB, George B.
TITLE OF INVENTION: No 5827514el Pesticidal Compositions
NUMBER OF SEQUENCES: 38
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Saliwanchik, Lloyd & Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: FL
COUNTRY: USA
ZIP: 32606-6669
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentlin
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/598.305A
FILING DATE: 08-FEB-1996
CLASSIFICATION: 514
CLASSIFICATION: 514
FILING DATE: 06-DEC-1994
APPLICATION NUMBER: US 08/349,867
PRIOR APPLICATION DATA:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Sanders, Jay M.
REGISTRATION NUMBER: 39,355
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA86-D1
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 352-375-8100
TELEFAX: 352-372-5800
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3444 base pairs

TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-598-305A-26

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 2; Length 3444;
Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;
Molecule Type: DNA (genomic)
US-08-598-305A-26

436 ATACGATTGAGATGTCACAAATGATTTATTTGAGAAATACCTGGTTCCAACTTGA 495
438 ATTGATTTGCTATACAGACGCTTTATTAACGCAATTAATTAATTTACCTTACA 447
496 ACTTATTAACGCTATTTACTACTATTTATGCGACGCTGCTATTTTCAATTTTA 555
448 AGTTTGAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGGAGATTTACATTTTACTA 507
556 TTACAAAGAGTGTGAATGCGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 615
508 TTAAAGACGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGAT 567
616 GAACCTAATGCTGAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 675
568 C-----ATTATATATGATTAATTAATTAATTTATTTCAATGAGA 600
676 TATAGTACTATTTGCAATACCTATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 735
601 TATACGAAACATTTGTTGACACATACATACATACATACATACATACATACATAC 660
736 AATATGATGAGATATTTATGATTTATGCAAGATATATGATTTACTGTTATGAT 795
661 ACTGCAATGCGGCAAGATTCATCAGTTTAGAGAGATTTAACAATGATGATGAT 720
796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATTAATGAGATA 833
721 ATGTTGCTCTTTTCCGAACTACGATGTTAGAACATA 758

RESULT 12
US-08-639-923A-22
Sequence 22 Application US/0863923A
Patent No. 5840554
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Thompson, Mark
APPLICANT: Schwab, George B.
TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in
NUMBER OF SEQUENCES: 38
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
CITY: Gainesville
STATE: Florida
COUNTRY: USA
ZIP: 32606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentlin Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/639,923A
FILING DATE: 24-APR-1996
CLASSIFICATION: 435
CLASSIFICATION: 435
FILING DATE: 06-MAY-1994
APPLICATION NUMBER: US 08/239,476
PRIOR APPLICATION DATA:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Saliwanchik, David R.
REGISTRATION NUMBER: 31,794
REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83-D1


```

/ COMPUTER READABLE FORM:
/ MEDIUM TYPE: Floppy disk
/ COMPUTER: IBM PC compatible
/ OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
/ SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25
/ CURRENT APPLICATION DATA:
/ APPLICATION NUMBER: PCT/US95/05431
/ FILING DATE:
/ CLASSIFICATION:
/ ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
/ NAME: Saliwanchik, David R.
/ REGISTRATION NUMBER: 31,794
/ REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83
/ TELECOMMUNICATION INFORMATION:
/ TELEPHONE: (904) 372-5800
/ TELEFAX: (904) 375-8100
/ INFORMATION FOR SEQ ID NO: 22:
/ SEQUENCE CHARACTERISTICS:
/ LENGTH: 3444 base pairs
/ TYPE: nucleic acid
/ STRANDEDNESS: single
/ TOPOLOGY: linear
/ MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
PCT-US95-05431-22

```

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 6; Length 3444;

Best local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

```

QY 436 ATACGATTTGAGATGTTCAAGATGATTTATTCGAGAAATCTGTTCCAACTTGAA 495
DB 388 ATTCGATTTGCTATATACAGACGAGCTTTAATAACCAATAAATAATTTTACCTTACA 447
QY 496 ACTTATTAACGCTATTACTACTATTTATTCGCGACGCTGCTATTTTCAATTAATTTA 555
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGGCGAATTTACATTTATCTACTA 507
QY 556 TTACAACAAGGCTGATGATTTGCTGATGAAATGCAATGATATATACCTCTTCACAATTT 615
DB 508 TTAAAGACGCTGATGATTTGCGGAGGTTGGGAGCTGATATAGCTATGTTAATAT 567
QY 616 GAACCTATGCTGGAACATCAGATGATCTATTTAACTTTTAAAGAAATATATCTTAA 675
DB 568 C-----ATTATATATGATTAATAATTAATCTTATTCATAGA 600
QY 676 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATATAGAGAGACTTAATACTTGGAAAGCAACT 735
DB 601 TATACGAAACATTTGTTGGACATACATCAGAGATTAAGAACTTAAGGGTACTAAT 660
QY 736 AATATGAGATGAGATATATTTAATGATTATCGAAGATATATGACTATTACTGTTAGAT 795
DB 661 ACTGCAATGGGCAAGATTCATCAGTTTAGAGAGATTTAACACTTACTGTTATGAT 720
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833
DB 721 ATGTTGCTCTTTTCCGAACATGATGTTAGAACATA 758

```

RESULT 15
PCT-US95-05431-26

/ Sequence 26, Application PC/RUS9505431
/ GENERAL INFORMATION:

```

/ APPLICANT:
/ APPLICANT: Street address: 5501 Oberlin Drive
/ APPLICANT: City: San Diego
/ APPLICANT: State/Province: California
/ APPLICANT: Country: US
/ APPLICANT: Postal code/Zip: 92121
/ APPLICANT: Phone number: (619) 453-8030
/ APPLICANT: Telex number:
/ TITLE OF INVENTION: Improvement of Delta-Endotoxin Expression in
/ Pseudomonas fluorescens
/ NUMBER OF SEQUENCES: 34

```

```

/ CORRESPONDENCE ADDRESS:
/ ADDRESSEE: David R. Saliwanchik
/ STREET: 2421 N.W. 41st Street, Suite A-1
/ City: Gainesville
/ STATE: Florida
/ COUNTRY: USA
/ ZIP: 32606
/ COMPUTER READABLE FORM:
/ MEDIUM TYPE: Floppy disk
/ COMPUTER: IBM PC compatible
/ OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
/ SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25
/ CURRENT APPLICATION DATA:
/ APPLICATION NUMBER: PCT/US95/05431
/ FILING DATE:
/ CLASSIFICATION:
/ ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
/ NAME: Saliwanchik, David R.
/ REGISTRATION NUMBER: 31,794
/ REFERENCE/DOCKET NUMBER: MA83
/ TELECOMMUNICATION INFORMATION:
/ TELEPHONE: (904) 372-5800
/ TELEFAX: (904) 375-8100
/ INFORMATION FOR SEQ ID NO: 26:
/ SEQUENCE CHARACTERISTICS:
/ LENGTH: 3444 base pairs
/ TYPE: nucleic acid
/ STRANDEDNESS: single
/ TOPOLOGY: linear
/ MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
PCT-US95-05431-26

```

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 6; Length 3444;

Best local Similarity 53.3%; Pred. No. 1.3e-06;
Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

```

QY 436 ATACGATTTGAGATGTTCAAGATGATTTATTCGAGAAATCTGTTCCAACTTGAA 495
DB 388 ATTCGATTTGCTATATACAGACGAGCTTTAATAACCAATAAATAATTTTACCTTACA 447
QY 496 ACTTATTAACGCTATTACTACTATTTATTCGCGACGCTGCTATTTTCAATTAATTTA 555
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGGCGAATTTACATTTATCTACTA 507
QY 496 ACTTATTAACGCTATTACTACTATTTATTCGCGACGCTGCTATTTTCAATTAATTTA 555
DB 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATGCGTCTATGTTCAAGCGGCGAATTTACATTTATCTACTA 507
QY 556 TTACAACAAGGCTGATGATTTGCTGATGAAATGCAATGATATATACCTCTTCACAATTT 615
DB 508 TTAAAGACGCTGATGATTTGCGGAGGTTGGGAGCTGATATAGCTATGTTAATAT 567
QY 616 GAACCTATGCTGGAACATCAGATGATCTATTTAACTTTTAAAGAAATATATCTTAA 675
DB 568 C-----ATTATATATGATTAATAATTAATCTTATTCATAGA 600
QY 676 TATAGTACTATTGTGCAAAATACCTATATAGAGAGACTTAATACTTGGAAAGCAACT 735
DB 601 TATACGAAACATTTGTTGGACATACATCAGAGATTAAGAACTTAAGGGTACTAAT 660
QY 736 AATATGAGATGAGATATATTTAATGATTATCGAAGATATATGACTATTACTGTTAGAT 795
DB 661 ACTGCAATGGGCAAGATTCATCAGTTTAGAGAGATTTAACACTTACTGTTATGAT 720
QY 796 ACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATA 833
DB 721 ATGTTGCTCTTTTCCGAACATGATGTTAGAACATA 758

```

Search completed: December 22, 2005, 00:15:08
Job time: 372.944 secs

Db 660 ATATCTTCAGAGAGTGTGCTGAATTTATCATAGACAAATTAACTTACACACACATA 719
Qy 678 TAGTAATCTATGTGCAATAATCCTATAGAGAGAACTAAATTAATCTGAAACGAACTTAA 737
Db 720 CACGACGACATTTGTCTTAATGATTAATGTTGATTAATGTTAAAGAGTTCACTTA 779
Qy 738 TATGAGATGAGATATATTTAATGATTAATGAGATATATGACTATTAATCTGATTAATGATAC 797
Db 780 TGATGACATGGGTCAAAATTTAAACGTTTTCGACAGAAATGACTTAACTGATTAATGATCT 839
Qy 798 TATGCTCAATTTCTTTATATGATTAATGAGATTAACAAAGTACAAAGA 839
Db 840 AATGTACTTTTCCCATTTATATGATGTTGGTTATACTCAA 881

RESULT 2

US-11-192-801-3
; Sequence 3, Application US/11192801
; Publication No. US20050273882A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Romano, Charles P.
; TITLE OF INVENTION: Improved Expression of Cry3Bb Insecticidal Protein in Plants
; FILE REFERENCE: 38-21(15304) Cry3Bb Improved Exp. Corn
; CURRENT FILING DATE: 2005-07-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/232,665
; PRIOR FILING DATE: 2002-08-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/377,466
; PRIOR FILING DATE: 1999-08-19
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 43
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 1959
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)..(1956)
; OTHER INFORMATION: naturally occurring nucleotide sequence encoding a
; OTHER INFORMATION: Cry3b2 amino acid sequence
US-11-192-801-3

Query Match 3.5%; Score 72.4; DB 7; Length 1959;
Best Local Similarity 52.0%; Pred. No. 0.00021;
Matches 209; Conservative 0; Mismatches 166; Indels 27; Gaps 1;
Qy 438 ACGATTGAGAAATTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCACTTGAAC 497
Db 507 ACTTTTTCACAGCAAGAAAGTCAATTTTCGTAATTCAGCCGTCATTTGCAAGTTCCAA 566
Qy 498 TTATTAACGCTATTACTACTTATTTAGCGAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATT 557
Db 567 ATTGGAAGTGTCTTTCTACCAACATATGCAAGCTGCAAAATCAACATTTATTTGCTATT 626
Qy 558 ACAACAAGTGTCTGAATTTGCTGATGATGGAATGCAATATACATCTTCCACAAATGGA 617
Db 627 AAAAGATGCTCAAGTTTGGAGAAGATG9-----GG 659
Qy 618 ACCTAATGCTGGAACATCAAGTACTATTAATTAACCTTTAAAGAAATATACCTAATA 677
Db 660 ATATCTTCAGAGAGATGTTGCTGAATTTATCATAGACAAATTAACCTTACGCAACATA 719
Qy 678 TAGTAATCTATGTGCAATAATCCTATAGAGAGAACTAAATTAATCTGAAACGAACTTAA 737
Db 720 CACGACGACATTTGTCTTAATGATTAATGTTGATTAATGTTAAAGAGTTCACTTA 779
Qy 738 TATGAGATGAGATATATTTAATGATTAATGAGATATATGACTATTAATCTGATTAATGATAC 797
Db 780 TGATGACATGGGTCAAAATTTAAACGTTTTCGACAGAAATGACTTAACTGATTAATGATCT 839
Qy 798 TATGCTCAATTTCTTTATATGATTAATGAGATTAACAAAGTACAAAGA 839
Db 840 AATGTACTTTTCCCATTTATATGATGTTGGTTATACTCAA 881

RESULT 3

US-11-121-086-105/c
; Sequence 105, Application US/11121086
; Publication No. US2005026459A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: POULSEN, TIM S.
; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES
; FILE REFERENCE: 09138.6000-00000
; CURRENT FILING DATE: 2005-05-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/11/121,086
; PRIOR FILING DATE: 2004-05-04
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107
; SOFTWARE: PatentIn version 3.3
; SEQ ID NO 105
; LENGTH: 171486
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
US-11-121-086-105

Query Match 3.4%; Score 71.8; DB 7; Length 171486;
Best Local Similarity 44.1%; Pred. No. 0.00061;
Matches 580; Conservative 0; Mismatches 717; Indels 18; Gaps 6;
Qy 775 ATGACTATTACTGTATTAAGTACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATAC 834
Db 17682 ATCTATTAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17623
Qy 835 AAGATTCATAGAGAAATAGGTGCAATTA-AACGAACTTACAGAGAAATTTATAC 893
Db 17622 ATATATTTATATATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17563
Qy 894 AACTGAATTAATTTGACCGTCTTACTTAAGTGAATTCACCAATCTGCTATTAAT 953
Db 17562 ATCTATTAATATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17503
Qy 954 GGAATTAATTTTAACAGCTTACGGGCTTGAATTTTCAATTTTGAAGACTTATAT 1013
Db 17502 TCTATTAATTAATTA-----ATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17450
Qy 1014 TTATACAAAATAAGAAACGTAACGGAATGTTAGTATTCGAAATCGTAATGATC 1073
Db 17449 CTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17390
Qy 1074 TACTTATGCTACAGACGAACTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17330
Db 17389 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17330
Qy 1134 AAAAATTTAATCCATTTGAATTCCTAATAAGTTTCAATTTGTAACGATAGACATAC 1193
Db 17329 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17270
Qy 1194 TCCCTACTCCCTTCTCTPAACATATATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1253
Db 17269 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17210
Qy 1254 TAAATCACTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1313
Db 17209 TCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17150
Qy 1314 AAGACGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGCTGAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1373
Db 17149 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17094
Qy 1374 TTTACAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1433
Db 17093 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 17034
Qy 1434 CTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1493

Db 17033 CATATATTAATATCAAAATATATATCTATCATATATAATATACAAATATATTTATATAT 16974
 Qy 1394 TAGGTGTAATGAATATATGCAATATGCAATATAATATTCATATGATCCAGAACAA 1553
 Db 16973 ATCTATCATATATATATATATCAAAATATATTTATATATATCTATCATATATATATACAA 16914
 Qy 1554 AGGTACAGCTCTGATACAACTCTAAGGTATATGAGAGAGCTGGTCAACAGAGGAA 1613
 Db 16913 ATATATTTATATATATCTATCAT 16854
 Qy 1614 CTGGTATATTTACAAAGTCAAGGCGTTAGAGATTCATATGAGAACTCTTAATTTCTAC 1673
 Db 16853 TAT 16794
 Qy 1674 ACATATCTATATACATGAGCTGATAGCTCAACAAAGCTGCTGAAATATCTTCTCA 1733
 Db 16793 AATATGTAATGTAAT 16734
 Qy 1734 TATATCTCT--TACAAATCCAGAGTATAGGAATATACCACTCAACGACGACACT 1791
 Db 16733 TAT 16674
 Qy 1792 TTTTCTGTACAAAT 1851
 Db 16673 TAT 16614
 Qy 1852 AGTACAGTACATACCTTAAATCGAATACATACATTTATATATATATATATATATATATATAT 1910
 Db 16613 TAT 16554
 Qy 1911 ATCAATTCAT 1970
 Db 16553 AT 16494
 Qy 1971 CCAAAATATAGAG--AAAACAAAATATAGAACTATCCAAACAAAATATATATATATATAT 2027
 Db 16493 AT 16434
 Qy 2028 CACAAATATATCAAAAATATCTTAAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 2082
 Db 16433 TAAAT 16379

RESULT 4
 US-11-121-086-25/C
 ; Sequence 25, Application US/11121086
 ; Publication No. US20050266459a1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: NIELSEN, KIRSTEN V.
 ; APPLICANT: POULSEN, TIM S.
 ; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND NUCLEIC ACID ANALOG PROBES
 ; FILE REFERENCE: 09138, 6000-06000
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/121, 086
 ; PRIOR FILING DATE: 2005-05-04
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/567,570
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.3
 ; SEQ ID NO 25
 ; LENGTH: 173602
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Homo sapiens
 US-11-121-086-25

Query Match 3.4%; Score 71.4; DB 7; Length 173602;
 Best Local Similarity 42.5%; Pred. No. 0.00072;
 Matches 551; Conservative 0; Mismatches 736; Indels 8; Gaps 3;

Qy 737 ATATAGATATGAGTAT 796
 Db 137315 AT 137256
 Qy 797 CTATGCTCAATTTCTTTTATGAT 856

Db 137255 AT 137196
 Qy 857 GTGGCATTTAAACGTAACCTTACAAAGAAATTTATACAGTGAATTAATTTGACCGTC 916
 Db 137195 AT 137136
 Qy 917 TTACTACCTTGAATCAACCCAACTCGCTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 976
 Db 137135 AT 137076
 Qy 977 GCGTAT 1036
 Db 137075 GTAT 137016
 Qy 1037 GGAATCGTTATAGTTGATATGCAAGCTGTAATATATATATATATATATATATATATATATAT 1096
 Db 137015 AT 136956
 Qy 1097 AAAT 1156
 Db 136955 TAT 136896
 Qy 1157 CCTATTAAGTTTCAA--TTGTATCTGATATACAGTAACTCTTCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT 1215
 Db 136895 TAT 136836
 Qy 1216 ATATATCTTACATTAATCAATTTGAACCTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1275
 Db 136835 AT 136776
 Qy 1276 ACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1335
 Db 136775 AT 136716
 Qy 1336 GTAAAAAAGCTGTAAACCAATTTAT 13395
 Db 136715 TAAAT 136656
 Qy 1396 AGTCATATTTTATCCAGTTTCTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1455
 Db 136655 TAT 136596
 Qy 1456 AAT 1515
 Db 136595 AT 136536
 Qy 1516 ATATCAGAT 1575
 Db 136535 AT 136476
 Qy 1576 TCTAAGTATATGAGAGCTGCTCATATACAGAGAGAACTTGGTTTATTTACAAAGTCAA 1635
 Db 136475 TTAT 136416
 Qy 1636 GGGGCTTATAGATTTACATATGAGAACTCTTATATATATATATATATATATATATATATATAT 1695
 Db 136415 TAT 136356
 Qy 1696 CGATACCTTACAAA-----TGGTCTGAGAAATCTCTTCTTATATATATATATATATATATAT 1749
 Db 136355 AT 136296
 Qy 1750 CCAGAGTATATGAGATATCCAGCTCAACGACTCAACAACTTTTCTGTGTAACAATATAT 1809
 Db 136295 TTAT 136236
 Qy 1810 AAT 1869
 Db 136235 AT 136176
 Qy 1870 TTAATCGAAACAT 1928

Query Match	3.0%	Score 61.8	DB 7	Length 173602
Beet Local Similarity	44.5%	Fred. No. 0.035		
Matches 462	Conservative 0	Mismatches 567	Indels 10	Gaps 5
Qy	432	TAAATTCAGATTGGAAATGTTCCAAATGATTTTATATTCGAGAAATACCTGCTTCCAACT	491	
Db	136072	TAAATATATATTAATTTATATATATGATATATTTTATATATATATATATATATATATATTT	1361311	
Qy	492	TGAAACTATATAAAAGCTATTTACTACCTATTTATATGCGAAGCTGTAATTTTCATTTAA	551	
Db	136132	ATTAATATATATTAATTA	136191	
Qy	552	TTTATTCACAAGAGTCTGTAATGGCTGATGATGAAATGCAATATATCATCTTCACA	611	
Db	136192	TATATTAATATATATATATATATTTATATATATATATATATATATATATATATATATTA	1362511	
Qy	612	AATGAACTATATGCTGGAACATGAGATCATATTTAACTTTTAAAAGAAATATATAC	671	
Db	136252	TATATTAATTA	1363111	
Qy	672	TAAATATATGTAATCTATGTCGAAATACCTATATGAGAAGACTAAATTTAACTTGAACGA	731	
Db	136312	TAAATTA	1363711	
Qy	732	ACCTAATATGAGATGAGATATATTTAATGATTTATGAAATATATGACTATTAATCTGATTT	791	
Db	136372	TTATTA	136430	
Qy	792	AGATATCTATGCTCAATTTCTTTTATATATATTAAGATATCAAAAGATTCATATAGGAAG	851	
Db	136431	ATTA	136490	
Qy	852	AATAGTGGTCAAT---TAAACTGAACTTACAGAGAAATTTATATCACTGAAATTAATTT	908	
Db	136491	TAAATTA	136550	
Qy	909	TGACCGTCTACTTACCTTGAATTTCAACCCATCTCGCTATATATGGAATATATATTTAAC	968	
Db	136551	TTTATATGTTATATGAT	136610	
Qy	969	ACGTTCAAGGCTTATATTTTCAATTTTATAGATGACTTATATTTTATACAAAAATGA	1028	
Db	136611	TATTTAA	136670	
Qy	1029	AACGATGGGAATGCTTATGATTTGATTTGCGAATGGAATGATATGATCTATATGCTAGAC	1088	
Db	136671	TGCTAT	136730	
Qy	1089	AGGAAGTGAATATATATATATGGAAGAAAGAACAGTCCACCCACCAACAAAACTTTATATAC	1148	
Db	136731	A-ATTA-T	136788	
Qy	1149	ATTGGAATCTATATAAAGTTTCAATTTGTAACGTATAGACAGTATCTCTTATCTCCCTTT	1208	
Db	136789	GTTAT	136848	
Qy	1209	TCCATACATATATCTTACAAATTTATCAATTTGACCTTATTTTAAATATTCACCTGTATA	1268	
Db	136849	TTATTA	136908	
Qy	1269	TAAATATACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTATATGATATATATATATATATATATTC	1328	
Db	136909	TATTA	136966	
Qy	1329	ATTTCCTGTAAT	1388	
Db	136969	AT	137024	
Qy	1389	TAGTATATGCTATATTTAT	1448	
Db	137025	TAGTAT	137084	

Db	322	GAAAAGTCATGGGAAATTTTATGGAACAAGTAGAAGATCTTAATCAAAAAATA	361
Qy	274	ACGAAAGCATTAACACGCTAAAGTTACAAACCTTAGAGAGATTYAGCAAAATTTACA	333
Db	382	GCAGAAATATGCAAGGAATTAAGCGCTTTCCGAAATTGAGATTAAGTAATTAATTCAA	441
Qy	334	AGCTAATATACGCACTTTCAGTATGATTGGAGAAAATTTAAAAAGACTACAAAGCTCCTGATTA	339
Db	442	TTATATCTAAGCGCTTGAGAAATGGAGAAATAATCCATTTCCAAATCGAGTAGATTTA	501
Qy	394	CCACCATCATCGCACTTACACAGCTCCCTTGACTCTTAAATATAGCAATTTGGAAATGTT	453
Db	502	AATGTTCCCGCGCAGCCTTACGAGATG-----TGCAAATCATTTTGGAAATCTCG	552
Qy	454	CACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGGTTCCAACTGAAACTTATTAAGAAGCTATTTA	513
Db	553	GATAGTTTATTACCAATATATGCACTTTTGAAGTACAAATTTTGAAGTACCAATTC	612
Qy	514	CTACCTATTATAGCCGACGCTGCTTAATTTTCATTAATTAATTAATTAACAACAAGTGTGAA	573
Db	613	CTTACTGTATATGCAATGGCAGCCAACTTCATTTATCTGTATTAAGAGCGCTCAATT	672
Qy	574	TTGGCTGATGATGGAATGCAAGTATATACCTTCACAAATTTGAAGCTAATGCTGGAACA	633
Db	673	TTTGGAGAAATGGGATGCTCAACACT-----ACT	705
Qy	634	TCAGATGACTATTAATTAACCTTTTAAAGAAAATTAACCTAATTAATTAAGTAATTTGNGCA	693
Db	706	ATTAAATACCTATTATGATGCTCAAAATGAACCTTACTGAGAAATATCTGATCACTGTGTA	765

765 TGT

ORGANISM: Bacillus thuringiensis
FEATURES:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1)...(2031)
US-11-058-727-83

Query Match 2.8%; Score 58.6; DB 7; Length 2031;
Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.056;
Matches 291; Conservative 0; Mismatches 294; Indels 36; Gaps 2;

```
QY 214 GACAAAACAGTATGACACAAATTATTAATGGAAGAAATTTTGTGTACACCGTTA 273
DB 322 GAAAAGCTCAATGGAAATTTTATGGAACAATGAACTCATTAATCAAAAAATA 381
QY 274 ACAGAAAGCATAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGAGTTTACAAATTTTCAA 333
DB 382 GCAGAAATATGCAAGAAATTAAGCGCTTCGGAATTTAGAGATTAGTAATTAATCAA 441
QY 334 AGCTATATACAGATTAGATGATTGAGAAATTTAAAGACTACAACTCTGATTA 393
DB 442 TTATATCTAATCGCTTGAAGAAATGGAAGAAATTCATTTGAGTGGATGTTTA 501
QY 394 CCACCATCATCAGATTACAAACAGCTGCCCTTGAATCTTAAATACGATTGAGATGT 453
DB 502 AATGCTTCCGGCCAGCTTACGAGATG-----TGCAGAAATCGATTTGAAATCTG 552
QY 454 CACAATGATTTTATTCGGAATATCTGTGTTCCAACTTGAACTTATTAACGCTATTA 513
DB 553 GATAGTTTATTTAGCAATATATGCCATCTTTAGAGTACAAATTTTGAAGTACATTC 612
QY 514 CTACCTTATTTATGCGCAAGCTGTCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGTGTGAA 573
DB 613 CTTACTGTATATGCAATGAGGACCACTTCACTTACTGTATTAAGACGCGCTCAAT 672
QY 574 TTGGCTGATGAAATGGAATGAGATATACATCTTCACAAAATGAACTAATGCTGAACA 633
DB 673 TTGGAAGAAATGGGATGCTCAACACT-----ACT 705
QY 634 TCAGATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATCTATTGCA 693
DB 706 ATTAATATCTATTTATGATGCTCAATGAACTTACGCAATTTCTGATCACTGTGA 765
QY 694 AATACCTATAGAGAAAGCTTAATTAACCTTGAAACGAACTTAATATGAGATGAGTAA 753
DB 766 AAGGTGATGAACTGCTTTAGCAAAATTAAGGCAAGCGCTAAACATGGGTGAC 825
QY 754 TTATATGATTTATGAGATATATGATTAATCTGATTAATGATCTATCGTCAATTTCT 813
DB 826 TATACCAATTCGCTAGAGAAATGACCTGGCGGTTTGAATGTTGCTATTTCCA 885
QY 814 TTTTATGATATTAAGAGATAC 834
DB 886 AATTATGACACAGCAGCTAC 906
```

RESULT 12
US-11-108-389-51
Sequence 51, Application US/11108389
Publication No. US20050261188A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Andre R. Abad
APPLICANT: Ronald D. Flannagan
APPLICANT: Rafael Herrmann
APPLICANT: Theodore W. Kahn
APPLICANT: Albert L. Lu
APPLICANT: Billy Fred McCutchen
APPLICANT: James K. Presnail
APPLICANT: James F.H. Wong
APPLICANT: Cao-Guo Yu
TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins With Pesticidal
FILE REFERENCE: 35716/291049
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389

CURRENT FILING DATE: 2005-04-18
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
SOFTWARE: PasteSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 51
LENGTH: 2031
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
FEATURES:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1)...(2031)
US-11-108-389-51

Query Match 2.8%; Score 58.6; DB 7; Length 2031;
Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.056;
Matches 291; Conservative 0; Mismatches 294; Indels 36; Gaps 2;

```
QY 214 GACAAAACAGTATGACACAAATTATTAATGGAAGAAATTTTGTGTACACCGTTA 273
DB 322 GAAAAGCTCAATGGAAATTTTATGGAACAATGAACTCATTAATCAAAAAATA 381
QY 274 ACAGAAAGCATAAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGAGTTTACAAATTTTCAA 333
DB 382 GCAGAAATATGCAAGAAATTAAGCGCTTCGGAATTTAGAGATTAGTAATTAATCAA 441
QY 334 AGCTATATACAGATTAGATGATTGAGAAATTTAAAGACTACAACTCTGATTA 393
DB 442 TTATATCTAATCGCTTGAAGAAATGGAAGAAATTCATTTGAGTGGATGTTTA 501
QY 394 CCACCATCATCAGATTACAAACAGCTGCCCTTGAATCTTAAATAGATTGAGATGT 453
DB 502 AATGCTTCCGGCCAGCTTACGAGATG-----TGCAGAAATCGATTTGAAATCTG 552
QY 454 CACAATGATTTTATTCGGAATATCTGTGTTCCAACTTGAACTTATTAACGCTATTA 513
DB 553 GATAGTTTATTTAGCAATATATGCCATCTTTAGAGTACAAATTTTGAAGTACATTC 612
QY 514 CTACCTTATTTATGCGCAAGCTGTCTAATTTTCAATTTAATTTATTAACAAGTGTGAA 573
DB 613 CTTACTGTATATGCAATGAGGACCACTTCACTTACTGTATTAAGACGCGCTCAAT 672
QY 574 TTGGCTGATGAAATGGAATGAGATATACATCTTCACAAAATGAACTAATGCTGAACA 633
DB 673 TTGGAAGAAATGGGATGCTCAACACT-----ACT 705
QY 634 TCAGATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATCTATTGCA 693
DB 706 ATTAATATCTATTTATGATGCTCAATGAACTTACGCAATTTCTGATCACTGTGA 765
QY 694 AATACCTATAGAGAAAGCTTAATTAACCTTGAAACGAACTTAATATGAGATGAGTAA 753
DB 766 AAGGTGATGAACTGCTTTAGCAAAATTAAGGCAAGCGCTAAACATGGGTGAC 825
QY 754 TTATATGATTTATGAGATATATGATTAATCTGATTAATGATCTATCGTCAATTTCT 813
DB 826 TATACCAATTCGCTAGAGAAATGACCTGGCGGTTTGAATGTTGCTATTTCCA 885
QY 814 TTTTATGATATTAAGAGATAC 834
DB 886 AATTATGACACAGCAGCTAC 906
```

RESULT 13
US-11-108-389-83
Sequence 83, Application US/11108389
Publication No. US20050261188A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Andre R. Abad

```

; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Presnail
; APPLICANT: James F.H. Wong
; APPLICANT: Cao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Gene Encoding Proteins with Pesticidal
; FILE REFERENCE: 35718/291049
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/108,389
; CURRENT FILING DATE: 2005-04-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 83
; LENGTH: 2031
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(2031)
US-11-108-389-83

```

Query Match 2.8%; Score 58.6; DB 7; Length 2031;

Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.056; Mismatches 294; Indels 36; Gaps 2;

```

Qy 214 GACAAAACAGTATGACACATTTATTTAAATGGAGAAATTTTGTGTATACCGCTTA 273
Db 322 GAAAGAGTCAATGGAAATTTTATGGAAACAGTAGAAGACATTAATCAAAAATA 381
Qy 274 ACAGAAAGCATAAACGCTTAAAGTTACAACTTTAGAGAGTTTACAAATTTTACA 333
Db 382 GCAGAAATGCAAGAAATAAAGCGCTTCGGAATTTAGAGATTAGTAATTAATACCA 441
Qy 334 AGCATATATCAGATTAGATGATTTGAGAAATTTAAAGACTACAAGCTCTGATTA 393
Db 442 TTATATCTAACTGCGCTTGAAGATGGAGAAATATCATTTCAAGTCGAGTAGTTTA 501
Qy 394 CCAACATCATCAGATTACACAACAAGCTGCTTGACTTTAAATATGATTTGAGATGTT 453
Db 502 AATGTTCCGGCCAGGCTTACGAGATG-----TGGGAATTCGATTTGAAATCTG 552
Qy 454 CACATGATTTTATTCGAAATACCTGCTTTCCAACTTGAACCTTATTAACCTTTTA 513
Db 553 GATGTTATTTATTCGAAATATGCAATCTTTTGAAGTACAAATTTTGAAGTACATTC 612
Qy 514 CTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAACAGGCTGAA 573
Db 613 CTATCTGATATGAAATGCGCAACCTTATTTACTGTTATTAAGAGCGCTCAATT 672
Qy 574 TTGGCTGATGAAATGAGATATATCATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGAA 633
Db 673 TTGGAGAAAGATGGGATGCTCAACAAC-----ACT 705
Qy 634 TCAGATGATTTTAACTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATGTTGCA 693
Db 706 ATTAATATCTATTTATGATCGTCAATGAACTTACTGAGAAATATTCGATCAGCTGTA 765
Qy 694 AATACCTATGAGAAAGCTAATATTAACCTTGAACGAACTAATATGAGATGAGATA 753
Db 766 AAGGTGATGAACTGCTTTAGCAAAATTTAAAGCGAGCGCTAATCAATGGGTTGAC 825
Qy 754 TTTATGATTTATGAGAAATATATGATACTATGATTTAGTATGCTCAATTTTCT 813
Db 826 TATTAACCAATTCGTAAGAAATGACACTGGCGTTTATGATGTTGTCATTTATCCCA 885

```

```

Qy 814 TTTATGATATTAAGAGATAC 834
Db 886 AATTATGACACGACGCTAC 906

```

RESULT 14

US-11-058-727-39

Sequence 39, Application US/11058727

Publication No. US20050261483A1

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Andre R. Abad

APPLICANT: Ronald D. Flannagan

APPLICANT: Rafael Herrmann

APPLICANT: Theodore W. Kahn

APPLICANT: Albert L. Lu

APPLICANT: Billy Fred McCutchen

APPLICANT: James K. Presnail

APPLICANT: James F.H. Wong

APPLICANT: Cao-Guo Yu

TITLE OF INVENTION: Gene Encoding Proteins with Pesticidal

FILE REFERENCE: 35718/287809

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727

CURRENT FILING DATE: 2005-02-15

PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786

PRIOR FILING DATE: 2002-06-26

PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787

PRIOR FILING DATE: 2003-04-04

PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320

PRIOR FILING DATE: 2003-06-25

NUMBER OF SEQ ID NOS: 134

SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0

SEQ ID NO 39

LENGTH: 2028

TYPE: DNA

ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)

FEATURE:

NAME/KEY: CDS

LOCATION: (1)...(2028)

US-11-058-727-39

Query Match 2.8%; Score 57.4; DB 7; Length 2028;

Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.091; Mismatches 291; Indels 39; Gaps 2;

```

Qy 214 GACAAAACAGTATGACACATTTATTTAAATGGAGAAATTTTGTGTATACCGCTTA 273
Db 322 GAAAGAGTCAATGGAAATTTTATGGAAACAGTAGAAGACATTAATCAAAAATA 381
Qy 274 ACAGAAAGCATAAACGCTTAAAGTTACAACTTTAGAGAGTTTACAAATTTTACA 333
Db 382 GCAGAAATGCAAGAAATAAAGCGCTTCGGAATTTAGAGATTAGTAATTAATACCA 441
Qy 334 AGCATATATCAGATTAGATGATTTGAGAAATTTAAAGACTACAAGCTCTGATTA 393
Db 442 TTATATCTAACTGCGCTTGAAGATGGAGAAATATCATTTCAAGTCGAGTTTGA 501
Qy 394 CCAACATCATCAGATTACACAACAAGCTGCTTGACTTTAAATATGATTTGAGATGTT 453
Db 502 AGTGAAGTCAAGCTTACGAGATG-----TGGGAATTCGATTTGAAATCTG 549
Qy 454 CACATGATTTTATTCGAAATACCTGCTTTCCAACTTGAACCTTATTAACCTTTTA 513
Db 550 GATGTTATTTATTCGAAATATGCAATCTTTTGAAGTACAAATTTTGAAGTACATTC 609
Qy 514 CTACCTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAACAGGCTGAA 573
Db 610 CTATCTGATATGAAATGCGCAACCTTATTTACTGTTATTAAGAGCGCTCAATT 669
Qy 574 TTGGCTGATGAAATGAGATATATCATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGAA 633
Db 670 TTGGAGAAAGATGGGATGCTCAACAAC-----ACT 702

```

QY 634 TCAGATGACTATTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTTAATATAGTAATTAATTTGCA 693
DB 703 ATTAATTAACCTATTATGATCGTCAATGAACCTTAACGAGATATGCTGATCACTGTGTA 762
QY 694 AATACCTATAGAGAGAGACTTAATTAACCTTCGAAACGACCTTAATATGAGATGAGATATA 753
DB 763 AAGTGTATGAAACCTGCTTTTAAAGCAAAATTAAGGCGAGCGCTTAACCAATGGGTGAC 822
QY 754 TTTAATGATTATGAGATATATGACTATTACTGTATATGATATGATATGCTCAATTTTCT 813
DB 823 TATTAACCAATTCGCTAGAGAAATGACACTGCGGCTTTAATGATGTTGCAATTATTCCTCA 882
QY 814 TTTTATGATATTAAGAAGATAC 834
DB 883 AATTATGACACACGACGCTAC 903

RESULT 15
US-11-058-727-71
; Sequence 71, Application US/11058727
; Publication No. US20050261483A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Andre R. Abad
; APPLICANT: Ronald D. Flannagan
; APPLICANT: Rafael Herrmann
; APPLICANT: Theodore W. Kahn
; APPLICANT: Albert L. Lu
; APPLICANT: Billy Fred McCutchen
; APPLICANT: James K. Presnail
; APPLICANT: James F.H. Wong
; APPLICANT: Cao-Guo Yu
; TITLE OF INVENTION: Genes Encoding Proteins with Pesticidal
; FILE REFERENCE: 35718/287809
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/058,727
; CURRENT FILING DATE: 2005-02-15
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/391,786
; PRIOR FILING DATE: 2002-06-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/460,787
; PRIOR FILING DATE: 2003-04-04
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/606,320
; PRIOR FILING DATE: 2003-06-25
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 134
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 71
; LENGTH: 2028
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis (mutated)
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(2028)
US-11-058-727-71

Query Match 2.8%; Score 57.4; DB 7; Length 2028;
Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.091;
Matches 291; Conservative 0; Mismatches 291; Indels 39; Gaps 2;

QY 214 GACAAAACAGTATGACACAAATTTATTAATGAGAGAAATTTTGTGATACACCGTTA 273
DB 322 GAAAGAGTCAATGGGAAATTTTATGACAAAGTAGAAGAACTCAATTAATCAAAAAATA 381
QY 274 ACAGAAAGCATAAACAGCTAAAGTTACAAACTTTAGAGAGATTTAGACAAATATTACAA 333
DB 382 GCAGAAATATGAGAAATAGAGCGCTTTCGGAATTAGAAGATTAGTAATTAATACCAA 441
QY 334 AGCTATATATCAGCATTTAGATGATGAGAAATTAATAAAGACTACAGCTCCTGATTA 393
DB 442 TTATATCTAATCTGCGCTTGAAGATGGAAGAAATCCATTCGAAGTCGAGGTTTTCGA 501
QY 394 CCACCATCATCAGCATTAACAAGCTGCTGACTTTAAATATGATTTGAGAAATGTT 453
DB 502 AGTCGAGGTCACGCTTACGAGA-----TGTGCAAAATGATTTGAAATCTCTG 549

QY 454 CCAATGATTTTATGAGAAATACCTGCTTCCAACTTGAACTTAAACCTATATAAGCTATTA 513
DB 550 GATAGTTTATTAAGCAATATATGCAATCTTTTAGAGTGACAAATTTTGAAGTACATTTC 609
QY 514 CTACCTATTTATGCGAGCTGCTAAATTTTCAATTTAAATTTATTAACAAGAGTGTGAA 573
DB 610 CTACCTATTTATGCAATGCGAGCAACCTTCAATTTACTGTATTTAAAGAGCGGTCAATT 669
QY 574 TTGCTGATGAAATGGAATGCAATATACATCCCTTCACAAATTTGAACCTAATGCTGGAACA 633
DB 670 TTGGAAGAAATGGGAGATGTCACAACT-----ACT 702
QY 634 TCAGATGACTATTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTTAATATAGTAATTAATTTGCA 693
DB 703 ATTAATTAACCTATTATGATCGTCAATGAACCTTAACGAGAAATATCTGATGACTGTGTA 762
QY 694 AATACCTATAGAGAGAGACTTAATTAACCTTCGAAACGAACTTAATATGAGATGAGATATA 753
DB 763 AAGTGTATGAAACCTGCTTTTAAAGCAAAATTAAGGCGAGCGCTTAACCAATGGGTGAC 822
QY 754 TTTAATGATTATGAGATATATGACTATTACTGTATATGATATGATATGCTCAATTTTCT 813
DB 823 TATTAACCAATTCGCTAGAGAAATGACACTGCGGCTTTAATGATGTTGCAATTATTCCTCA 882
QY 814 TTTTATGATATTAAGAAGATAC 834
DB 883 AATTATGACACACGACGCTAC 903

Search completed: December 22, 2005, 01:21:31
Job time : 256.49 secs

XX Carozzi N, Hargiss T, Koziel MG, Duck NB, Carr B,
PI WPI: 2004-635574/61.
XX P-FSDB; ADR89399.
DR
XX New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids
PT and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or
XX for producing organisms with pesticide resistance.
PS Claim 1; SEQ ID NO 10; 178bp; English.

CC This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-
CC endotoxin coding sequences of the invention have alternative start
CC codons, producing more than one protein from a single open reading frame.
CC The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs
CC or expression cassettes for transformation and expression in plants and
CC bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for
CC killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the
CC delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are
CC useful for the production of organisms with pesticide resistance,
CC specifically bacteria and plants. These organisms are useful for
CC generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-
CC associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the
CC presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or
CC nucleic acids in products or organisms.
XX

Sequence 2085 BP; 794 A; 338 C; 302 G; 651 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 100.0%; Score 2085; DB 13; Length 2085;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 ATGTGTCAAGGGAATACACATATGTGATATTTGAGACATTGGTGAAGCATACACA 60
DB 1 ATGTGTCAAGGGAATACACATATGTGATATTTGAGACATTGGTGAAGCATACACA 60
QY 61 ATTGCTGACAGTAAAGTGAAGTACTATTGTATCCGGTACTCTGTTAGCCGGTATAGGTGG 120
DB 61 ATTGCTGACAGTAAAGTGAAGTACTATTGTATCCGGTACTCTGTTAGCCGGTATAGGTGG 120
QY 121 CTGACTCTATATCCCGGACCGATATGAAATATAGTCTATATATATCTTTGGTACC 180
DB 121 CTGACTCTATATCCCGGACCGATATGAAATATAGTCTATATATATCTTTGGTACC 180
QY 181 CTATATCACTGCTTTGGCCCGCGGAGAACACAAACAGATGAGACATTTATT 240
DB 181 CTATATCACTGCTTTGGCCCGCGGAGAACACAAACAGATGAGACATTTATT 240
QY 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACGTTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTA 300
DB 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACGTTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTA 300
QY 301 CAATCTTAAAGATTTAGACAAATATATACAAAGCTATATACAGATTTAGATTTGG 360
DB 301 CAATCTTAAAGATTTAGACAAATATATACAAAGCTATATACAGATTTAGATTTGG 360
QY 361 AGAAATTTAAAGACTACAGAGCTCTGATTTACACATCATCAGATTACACAGAGCT 420
DB 361 AGAAATTTAAAGACTACAGAGCTCTGATTTACACATCATCAGATTACACAGAGCT 420
QY 421 GCTTGAAGCTTTAAATAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 480
DB 421 GCTTGAAGCTTTAAATAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCT 480
QY 481 GGTTCCTCAACTTAAAGATTTAAAGCTATATCTATTTATGCGAAGCTGCTAAT 540
DB 481 GGTTCCTCAACTTAAAGATTTAAAGCTATATCTATTTATGCGAAGCTGCTAAT 540
QY 541 TTTCATTTAATTTATACAAAGAGTGTGATTTGGCTGATGGAATGCAAGATATA 600
DB 541 TTTCATTTAATTTATACAAAGAGTGTGATTTGGCTGATGGAATGCAAGATATA 600

QY 601 CATCTTCACAAAATTTGAACCTTAAGCTGAGACATGATGACTATTTATTAACCTTTTAAA 660
DB 601 CATCTTCACAAAATTTGAACCTTAAGCTGAGACATGATGACTATTTATTAACCTTTTAAA 660
QY 661 GAAAAATATACCTTAATATATGTAATTTTGGCAATATCTATATAGAGAGACTAATATA 720
DB 661 GAAAAATATACCTTAATATATGTAATTTTGGCAATATCTATATAGAGAGACTAATATA 720
QY 721 CTTGGAAGCAACCTTAATATGATGATGAGATGATATTTAATGATTAATGAGATATAGACT 780
DB 721 CTTGGAAGCAACCTTAATATGATGATGAGATGATATTTAATGATTAATGAGATATAGACT 780
QY 781 ATTACTGATTAATGATATCTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACAAAGAT 840
DB 781 ATTACTGATTAATGATATCTATGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACAAAGAT 840
QY 841 TCATATGGAAGATATAGTGGCATTTAAACTGAACTTACAGAGAAATTTATCACTGAA 900
DB 841 TCATATGGAAGATATAGTGGCATTTAAACTGAACTTACAGAGAAATTTATCACTGAA 900
QY 901 ATTAATTTTGAACGCTTACTTAACTTTGAATTTCAACCAATCTGCTAATATGAAATAT 960
DB 901 ATTAATTTTGAACGCTTACTTAACTTTGAATTTCAACCAATCTGCTAATATGAAATAT 960
QY 961 AATTTAACAGCTTCAGGCGCTTATGATTTTCAATTTTATGATGAACTTATATTTATACA 1020
DB 961 AATTTAACAGCTTCAGGCGCTTATGATTTTCAATTTTATGATGAACTTATATTTATACA 1020
QY 1021 AAAAATGGAACGTAACGGGAATGTTTATGTTATGGAATATGGAATATGATCTATAT 1080
DB 1021 AAAAATGGAACGTAACGGGAATGTTTATGTTATGGAATATGGAATATGATCTATAT 1080
QY 1081 GCTACGACAGAACTGAATATATATATGAGAGAAAGACAGTCCACCAACAAATACT 1140
DB 1081 GCTACGACAGAACTGAATATATATATGAGAGAAAGACAGTCCACCAACAAATACT 1140
QY 1141 TTAATACCAATTTGAATCTTATAAAGTTTCAATTTGTAAGTATGATGACAAATGCTCTACT 1200
DB 1141 TTAATACCAATTTGAATCTTATAAAGTTTCAATTTGTAAGTATGATGACAAATGCTCTACT 1200
QY 1201 TCCCTTTTCTTAACATATCTTTTACAAATTAATGAACTTTATTTAATTAATTTCA 1260
DB 1201 TCCCTTTTCTTAACATATCTTTTACAAATTAATGAACTTTATTTAATTAATTTCA 1260
QY 1261 CCTAGTAATTAATTAATCATATTTCAAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAACA 1320
DB 1261 CCTAGTAATTAATTAATCATATTTCAAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAACA 1320
QY 1321 GATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGTAAACCAATTAATTAATCAATTTGTTTACCA 1380
DB 1321 GATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGTAAACCAATTAATTAATCAATTTGTTTACCA 1380
QY 1381 AGCTATTAATTAATTAATGATTTTATATCCAGTTTCTTTATTTAATTTATTTCTTATA 1440
DB 1381 AGCTATTAATTAATTAATGATTTTATATATCCAGTTTCTTTATTTAATTTATTTCTTATA 1440
QY 1441 ATTGAATGCGCTAAT 1500
DB 1441 ATTGAATGCGCTAAT 1500
QY 1501 AATAGAAATTAATGCAATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560
DB 1501 AATAGAAATTAATGCAATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560
QY 1561 AGCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
DB 1561 AGCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1620
QY 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGGGCTTTAGAGATTAATCAATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
DB 1621 TATTTCAAAAGTCAAGGGGCTTTAGAGATTAATCAATGATGATGATGATGATGATGAT 1680
QY 1681 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1740

Db	1681	TATTACATTGACCTTCGATACGCTGCAAAATGCTGCGAAATACCTCTTCCATTAATATCT	1740
Qy	1741	CTTACAATTACGAGAGTATAGAAATACCACTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGGT	1800
Db	1741	CTTACAATTACGAGAGTATAGAAATACCACTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGGT	1800
Qy	1801	ACAAATTATTAATTTTCAATTACGAGATTTTGGGTATTTTCCAATTTCCAAAGTACAGTA	1860
Db	1801	ACAAATTATTAATTTTCAATTACGAGATTTTGGGTATTTTCCAATTTCCAAAGTACAGTA	1860
Qy	1861	ACATTACCTTTAAATCGAACAATACCAATTTATTTTAATCGTGAGATGTATCAAAATTCA	1920
Db	1861	ACATTACCTTTAAATCGAACAATACCAATTTATTTTAATCGTGAGATGTATCAAAATTCA	1920
Qy	1921	ATTTTTAATCATTGATAAATTTGAATTTATTAACCAATTACTTCCTCTGTACGCCCAAAATGGA	1980
Db	1921	ATTTTTAATCATTGATAAATTTGAATTTATTAACCAATTACTTCCTCTGTACGCCCAAAATGGA	1980
Qy	1981	GAAAAACAAAAATTGAAACTATCCAAACAAAAATTAATTAACATTTTTCACAAATCATATCA	2040
Db	1981	GAAAAACAAAAATTGAAACTATCCAAACAAAAATTAATTAACATTTTTCACAAATCATATCA	2040
Qy	2041	AAAAATCTTTAAATATATGAAAGCCCAAAACATATGATATGATTTAA	2085
Db	2041	AAAAATCTTTAAATATATGAAAGCCCAAAACATATGATATGATTTAA	2085

XX WP1; 2004-635574/61.
DR P-PSDB; ADR893397.
XX
XX
PT New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids
PT and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or
PT for producing organisms with pesticide resistance.
PS
PS
PS Claim 1; SEQ ID NO 8; 178pp; English.
XX
XX This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-
CC endotoxin coding sequences of the invention have alternative start
CC codons, producing more than one protein from a single open reading frame.
CC The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs
CC or expression cassettes for transformation and expression in plants and
CC bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for
CC killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the
CC delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are
CC useful for the production of organisms with pesticide resistance,
CC specifically bacteria and plants. These organisms are useful for
CC generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-
CC associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the
CC presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or
CC nucleic acids in products or organisms.
XX
XX Sequence 2235 BP; 861 A; 364 C; 316 G; 694 T; 0 U; 0 Other;

```

RESULT 2
ADNR89396
ID      ADNR89396 standard; cDNA; 2235 BP.
XX
XX      ADR89396;
XX
XX      18-NOV-2004 (first entry)
XX
XX      AXMI-007 coding sequence.
XX
XX      ss; gene; delta-endotoxin; delta-endotoxin associate polypeptide;
XX      expression cassette; transformation; transgenic; plant; bacteria;
XX      lepidoptera; coleoptera; pest; pesticide; resistance;
XX      pesticidal activity.
XX
XX      Bacillus thuringiensis.
XX
XX      Key      Location/Qualifiers
XX      CDS      1..2235
XX               /*tag=a
XX               /product="AXMI-007"
XX               /transl_except=pos:1..3, aa:Met
XX
XX      WO2004074462-A2.
XX
XX      02-SEP-2004.
XX
XX      20-FEB-2004; 2004WO-US005829.
XX
XX      20-FEB-2003; 2003US-0448632P.
XX      20-FEB-2003; 2003US-0448633P.
XX      20-FEB-2003; 2003US-0448797P.
XX      20-FEB-2003; 2003US-0448806P.
XX      20-FEB-2003; 2003US-0448810P.
XX      20-FEB-2003; 2003US-0448812P.
XX      19-FEB-2004; 2004US-00781979.
XX      19-FEB-2004; 2004US-00782096.
XX      19-FEB-2004; 2004US-00782141.
XX      19-FEB-2004; 2004US-00782570.
XX      19-FEB-2004; 2004US-00783417.
XX
XX      (ATHE-) ATHENIX CORP.
XX
XX      Carozzi N, Hargiss T, Koziel MG, Duck NB, Carr B;

```

	Query Match	Similarity	100.0%	Score	2085	DB	13	Length	2235	
	Best Local	Similarity	100.0%	Prd.	No.	0				
	Matches	2085	Conservative	0	Mismatches	0	Indels	0	Gaps	0
QY	1	ATGTGTCAAGGAAATACAAATATGTGTGATTAATTTCCAGACATTTGCTAGTGTGATAC	60							
DB	151	ATGTGTCAAGGAAATACAAATATGTGTGATTAATTTCCAGACATTTGCTAGTGTGATAC	210							
QY	61	ATTGTCTGAGTTAGTGAAGACTAATTGTATCCGGGTCTCGTTAGCCGGTATGTTGGTGG	120							
DB	211	ATTGTCTGAGTTAGTGAAGACTAATTGTATCCGGGTCTCGTTAGCCGGTATGTTGGTGG	270							
QY	121	CTCACTTCTATATCCGACCCGATGAGATATATAGTGTCTATTAATATATCTTTTGGTACC	180							
DB	271	CTCACTTCTATATCCGACCCGATGAGATATATAGTGTCTATTAATATATCTTTTGGTACC	330							
QY	181	CTATATCATGTCTTTTGGCCCGCGGGAGAAACAACAACAAACAGTATGACACAAATTTAT	240							
DB	331	CTATATCATGTCTTTTGGCCCGCGGGAGAAACAACAACAAACAGTATGACACAAATTTAT	390							
QY	241	AAAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTAACAGAAACATTAACACGCTAAAGTTA	300							
DB	391	AAAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTAACAGAAACATTAACACGCTAAAGTTA	450							
QY	301	CAACTTTAAGAAAGATTTAGCAAAATTTTACAAAGCTTATATAGCATTTAGATGATGG	360							
DB	451	CAACTTTAAGAAAGATTTAGCAAAATTTTACAAAGCTTATATAGCATTTAGATGATGG	510							
QY	361	AGAAATTTAAAGAAAGACTACAGACTCCGTGATTAACACCATCATGACATTTACAAACAGCT	420							
DB	511	AGAAATTTAAAGAAAGACTACAGACTCCGTGATTAACACCATCATGACATTTACAAACAGCT	570							
QY	421	GCCTTGACTCTTAAATATACATTTTGAGAAATGTTCAACAATGATTTTATTCGAGAAATACCT	480							
DB	571	GCCTTGACTCTTAAATATACATTTTGAGAAATGTTCAACAATGATTTTATTCGAGAAATACCT	630							
QY	481	GGTTTCCAACTTGAACCTTATTAACACGCTATTAACCTATTTTATGCGCAAGCTGCTAAT	540							
DB	631	GGTTTCCAACTTGAACCTTATTAACACGCTATTAACCTATTTTATGCGCAAGCTGCTAAT	690							
QY	541	TTTCATTTTAATTTATTTACAAACAGAGCTGCTAATTTGGCTGATGAAATGGAATGCAGATTA	600							
DB	691	TTTCATTTTAATTTATTTACAAACAGAGCTGCTAATTTGGCTGATGAAATGGAATGCAGATTA	750							
QY	601	CATCCTTCACAAATTTGAACTTAATGCTGGAACATCAGATGACTATTTATTAACCTTTTAAAC	660							

```

Db      751 CATCTTCACAAATTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGACATATATTAACCTTTAAAA 810
Qy      661 GAAATATACCTTAATATAGTAATCTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTTAATAAA 720
Db      811 GAAATATACCTTAATATAGTAATCTATTGTGCAAAATACCTATAGAGAAGACTTAATAAA 870
Qy      721 CTTGGAAGACACTTAATATAGATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGAGATATATGACT 780
Db      871 CTTGGAAGACACTTAATATAGATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGAGATATATGACT 930
Qy      781 ATTAGCTATATAGTACTATGCTGCATATTTCTTTTATATATATATTAAGATATCAAAAGAT 840
Db      931 ATTAGCTATATAGTACTATGCTGCATATTTCTTTTATATATATATTAAGATATCAAAAGAT 990
Qy      841 TCATATGAGAAGATAGGTGGCATTTAAATGAACTTCAAGAGAAATTTTATCAACTGAA 900
Db      991 TCATATGAGAAGATAGGTGGCATTTAAATGAACTTCAAGAGAAATTTTATCAACTGAA 1050
Qy      901 ATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCTCGCTATATGAAATAT 960
Db      1051 ATTAATTTTGAACGCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCTCGCTATATGAAATAT 1110
Qy      961 ATTTTACAGGTCAGGGCTTAGATTATTTTCAATTTTATAGATGAACTTATTTTATACA 1020
Db      1111 ATTTTACAGGTCAGGGCTTAGATTATTTTCAATTTTATAGATGAACTTATTTTATACA 1170
Qy      1021 AAAATGAAAAGTACGGGAATCGTTTAGTTGTAATGCGAATCGTAATAGATCTACTAT 1080
Db      1171 AAAATGAAAAGTACGGGAATCGTTTAGTTGTAATGCGAATCGTAATAGATCTACTAT 1230
Qy      1081 GCTACGACAGGAACGTGAATTTATATATGAGAAAAGAACAGGTCCACCCACACAAAACCT 1140
Db      1231 GCTACGACAGGAACGTGAATTTATATATGAGAAAAGAACAGGTCCACCCACACAAAACCT 1290
Qy      1141 TTAATACCATTTGATCTTAATTAAGTTCAATTGTAATGTAATGACAAAGTAATCTCCACT 1200
Db      1291 TTAATACCATTTGATCTTAATTAAGTTCAATTGTAATGTAATGACAAAGTAATCTCCACT 1350
Qy      1201 TCCCTCTTTTCTTAACATATATCTTACCAATTAATCAAAATGGAATTTTAAATATTTCA 1260
Db      1351 TCCCTCTTTTCTTAACATATATCTTACCAATTAATCAAAATGGAATTTTAAATATTTCA 1410
Qy      1261 CCTAGTATATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATATTAATAAAACAACT 1320
Db      1411 CCTAGTATATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATATTAATAAAACAACT 1470
Qy      1321 GATTTTCAATTCCTGTAATTAATAAAGACTGTAACCAATTAATTAATCCAAATTTGTTTACA 1380
Db      1471 GATTTTCAATTCCTGTAATTAATAAAGACTGTAACCAATTAATTAATCCAAATTTGTTTACA 1530
Qy      1381 AGCTATATATAGTTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAATTAATTCCTATAAA 1440
Db      1531 AGCTATATATAGTTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAATTAATTCCTATAAA 1590
Qy      1441 ATTGGATTAGCGCTAAATATATATATATATACAGGTGCATTAGAGTGAACAACAGTAGTGT 1500
Db      1591 ATTGGATTAGCGCTAAATATATATATATATACAGGTGCATTAGAGTGAACAACAAGTAGTGT 1650
Qy      1501 AATAGAAATATATGCAATATGCAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1560
Db      1651 AATAGAAATATATGCAATATGCAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1710
Qy      1561 AGCTTGTATCAAACTCTAAGATTAATGAGAGACTGTGTCATACAGAGAGAACTTGTGT 1620
Db      1711 AGCTTGTATCAAACTCTAAGATTAATGAGAGACTGTGTCATACAGAGAGAACTTGTGT 1770
Qy      1621 TATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTAGAGATTACATGTAACCTCCTAATTTCTACACAATCT 1680
Db      1771 TATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTAGAGATTACATGTAACCTCCTAATTTCTACACAATCT 1830
Qy      1681 TATTTACATTTAGACTTGCATACGCTACAAATGAGTGTCTGAAATATCTCTTCTTAATATATCT 1740
Db      1831 TATTTACATTTAGACTTGCATACGCTACAAATGAGTGTCTGAAATATCTCTTCTTAATATATCT 1890

```

```

Qy      1741 CTTACATATCCAGAGATTAATAGGAATACCACTCAACGACTCAACAACAATTTTCTGCT 1800
Db      1891 CTTACATATCCAGAGATTAATAGGAATACCACTCAACGACTCAACAACAATTTTCTGCT 1950
Qy      1801 ACAATTTATATATATTAATTAATCAATACGAGATTTTGGTATTTCCAAATTTCAAGTACGTA 1860
Db      1951 ACAATTTATATATATTAATTAATCAATACGAGATTTTGGTATTTCCAAATTTCAAGTACGTA 2010
Qy      1861 ACATTAACCTTTAAATGGAACATACCACTTATATTTAATTCGAGAGATGATATCAAAATTTCA 1920
Db      2011 ACATTAACCTTTAAATGGAACATACCACTTATATTTAATTCGAGAGATGATATCAAAATTTCA 2070
Qy      1921 ATTTATCATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980
Db      2071 ATTTATCATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2130
Qy      1981 GAAAAACAAAATTTAGAAATCTATCCAAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040
Db      2131 GAAAAACAAAATTTAGAAATCTATCCAAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2190
Qy      2041 AAAATATCTTTAAATATATAGAGCCACAACTATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085
Db      2191 AAAATATCTTTAAATATATAGAGCCACAACTATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2235

RESULT 3
ADR89394
ID ADR89394 standard; cDNA; 2208 BP.
XX
AC ADR89394;
XX
DT 18-NOV-2004 (first entry)
XX
DE AXMT-006 coding sequence.
XX
KW ss; gene; delta-endotoxin; delta-endotoxin associate polypeptide;
KW expression cassette; transformation; transgenic; plant; bacteria;
KW lepidoptera; coleoptera; pest; pesticide; resistance;
KW pesticidal activity.
XX
OS Bacillus thuringiensis.
XX
FH Key Location/Qualifiers
FT CDS 1..2208
FT /*tag= a
FT /product= "AXMT-006"
XX
PN WO2004074462-A2.
XX
PD 02-SEP-2004.
XX
PE 20-FEB-2004; 2004NC-US005829.
XX
PF
XX
PR 20-FEB-2003; 2003US-0448632P.
PR 20-FEB-2003; 2003US-0448633P.
PR 20-FEB-2003; 2003US-0448797P.
PR 20-FEB-2003; 2003US-0448806P.
PR 20-FEB-2003; 2003US-0448810P.
PR 20-FEB-2003; 2003US-0448812P.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00781979.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782020.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782096.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782141.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00782570.
PR 19-FEB-2004; 2004US-00783417.
XX
PA (ATHE-) ATHENIX CORP.
PI
PI Carozzi N, Hargiss T, Kozziel MG, Duck NB, Carr B;
XX
XX WPI; 2004-635574/61.
XX
DR P-PDB; ADR89395.

```

XX New isolated delta-endotoxin and delta-endotoxin-associated nucleic acids
PT and polypeptides, useful for killing lepidopteran or coleopteran pests or
PT for producing organisms with pesticide resistance.

XX PS Claim 1; SEQ ID NO 6; 178bp; English.

XX This sequence encodes an isolated delta-endotoxin. Some of the delta-
CC endotoxin coding sequences of the invention have alternative start
CC codons, producing more than one protein from a single open reading frame.
CC The nucleic acid sequences of the invention are useful in DNA constructs
CC or expression cassettes for transformation and expression in plants and
CC bacteria. The nucleic acids and corresponding polypeptides are useful for
CC killing lepidopteran or coleopteran pests. Compositions containing the
CC delta-endotoxins of the invention, and methods for their production, are
CC useful for the production of organisms with pesticide resistance,
CC specifically bacteria and plants. These organisms are useful for
CC generating altered or improved delta-endotoxin or delta-endotoxin-
CC associated proteins that have pesticidal activity, or for detecting the
CC presence of delta-endotoxin or delta-endotoxin-associated proteins or
CC nucleic acids in products or organisms.

XX Sequence 2208 BP; 842 A; 377 C; 308 G; 681 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 86.1%; Score 1794.4; DB 13; Length 2208;
Best Local Similarity 92.7%; Pred. No. 3.9e-290;
Matches 1908; Conservative 0; Mismatches 141; Indels 9; Gaps 2;

QY 1 ATGTGTCAAGGAATACAAATATGTGATATTTTCAGACATTTGCTAGTGTGATACA 60
Db 154 ATGTGTCAAGGAATACAAATATGTGATATTTTCAGACATTTGCTAGTGTGATACA 213
QY 61 ATGTGTCAAGGAATACAAATATGTGATATTTTCAGACATTTGCTAGTGTGATACA 120
Db 214 ATGTGTCAAGGAATACAAATATGTGATATTTTCAGACATTTGCTAGTGTGATACA 273
QY 121 CTCACTTATATCCGACCGATAGGAATATAGTGTATATATATCTTTTGATACC 180
Db 274 CTCACTTATATCCGACCGATAGGAATATAGTGTATATATCTTTTGATACC 333
QY 181 CTAACTACTGTCTTTGGCCCGCGGAGAACAAACAGTATGACAAATTTAT 240
Db 334 CTAACTACTGTCTTTGGCCCGCGGAGAACAAACAGTATGACAAATTTAT 393
QY 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGATTAACAGTAAAGTTA 300
Db 394 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGATTAACAGTAAAGTTA 453
QY 301 CAACTTGAAGAGTTTGAACAATATTAACAAGCTATATAGCATTTAGATTTGG 360
Db 454 CAACTTGAAGAGTTTGAACAATATTAACAAGCTATATAGCATTTAGATTTGG 513
QY 361 AGAAAAATTAAGAGCTACAAGCTCTGATTTACACATCATCAGCATTTACAACAAGCT 420
Db 514 AGAAAAATTAAGAGCTACAAGCTCTGATTTACACATCATCAGCATTTACAACAAGCT 573
QY 421 GCCTTGACTCTTAAATACGATTTGAGATTTTCAATGATTTTATTCGAAATACCT 480
Db 574 GCCTTGACTCTTAAATACGATTTGAGATTTTCAATGATTTTATTCGAAATACCT 633
QY 481 GGTTCGAACCTTGAACCTTATTAACGCTATTTACTACCTATTTATGCGCAGGCTATAT 540
Db 634 GGTTCGAACCTTGAACCTTATTAACGCTATTTACTACCTATTTATGCGCAGGCTATAT 693
QY 541 TTTGATTTAAATTTATTAACAACAAGGCTGATTTGCTGATGAAATGAGATGATATA 600
Db 694 TTTGATTTAAATTTATTAACAACAAGGCTGATTTGCTGATGAAATGAGATGATATA 753
QY 601 CATCTTTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGAGAACTAGATGACTATTAATTAATTAATA 660
Db 754 CATCTTTCAAAATTTGAACCTTAATGCTGAGAACTAGATGACTATTAATTAATTAATA 813
QY 661 GAAATATATACCTAATATATAGTAATATTTGCAATTAATTAAGAAAGGACTAATAATA 720

Db 814 GAAATATATACCTAATATATAGTAATATTTGCAATTAATTAAGAAAGGACTAATAATA 873
QY 721 CTGGAAGAGAACTAATATGAGATGAGATATTTAATGATTTATCGAAGATATATGACT 780
Db 874 CTGAGAGAGAACTAATATGAGATGAGATATTTAATGATTTATCGAAGATATATGACT 933
QY 781 ATTAGTATATGATATGATATGATATGATATTTTATGATATTAAGATATTAAGAAAT 840
Db 934 ATTAGTATATGATATGATATGATATTTTATGATATTAAGATATTAAGAAATATGACT 993
QY 841 TCAATAGAGAAATGAGATGAGATATTAAGATATTAAGATATTAAGAAATATGACT 894
Db 994 TCAATAGAGAAATGAGATATTAAGATATTAAGATATTAAGATATTAAGAAATATGACT 1053
QY 895 ACTGAATAAATTTTGAACCGTCTTACTTACTGTAATTTCAACCAATCTGCTATATATG 954
Db 1054 ACTGAATAAATTTTGAACCGTCTTACTTACTGTAATTTCAACCAATCTGCTATATATG 1113
QY 955 GAAATATATTAACAGCTGAGGCTAGATATTTTATGATATTAAGATATTAAGAAAT 1014
Db 1114 GAAATATATTAACAGCTGAGGCTAGATATTTTATGATATTAAGATATTAAGAAAT 1173
QY 1015 TATACAAAATTTGAACGTAAGGATCGTTAGTGTATGCGAATCGTAATATGACT 1074
Db 1174 TATACAAAATTTGAACGTAAGGATCGTTAGTGTATTTATGATATTAAGATATGACT 1233
QY 1075 ACTATGCTAGACAGAACTGAATATTAATATGAGAGAAAGAGTCCACCAACA 1134
Db 1234 ACTATGCTAGACAGAACTGAATATTAATATGAGAGAAAGAGTCCACCAACA 1293
QY 1135 AAAATTTAATACATTTGATATCCATTAATTTCAATTTGATATTAAGATATTAAGAA 1194
Db 1294 AAAATTTAATACATTTGATATCCATTAATTTCAATTTGATATTAAGATATTAAGAA 1353
QY 1195 CCTACTTCCCTTTTCTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAAT 1254
Db 1354 CCTACTTCCCTTTTCTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAATTTCAAT 1410
QY 1255 AATTCACCTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1314
Db 1411 GGCATCATTAACAACACTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1470
QY 1315 ACACTGATTTTCAATTTTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1374
Db 1471 ACACTGATTTTCAATTTTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1530
QY 1375 TTACCAAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1434
Db 1531 TTACCAAGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1590
QY 1435 TATTAATTTGATAGGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1494
Db 1591 TATGATATTTGATAGGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1650
QY 1495 AGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1554
Db 1651 AGTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1710
QY 1555 GGTAAAGCTCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1614
Db 1711 GGTAAAGCTCTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1770
QY 1615 TTTGTTATTTTAAAGAGGCTTTAGATTTATGATATTAATTAATTAATTAATTAAT 1674
Db 1771 TTTGTTATTTTAAAGAGGCTTTAGATTTATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1830
QY 1675 CAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1734
Db 1831 CAATCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1890
QY 1735 ATATCTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1794


```

Db      2429 TAAAACTCAAGTGTATAGCTTGGCTTGACACACTGTAGTGTGATCTCTAAAAATACAT 2488
Qy      1518 ATCAGATTAATTAATTAATCAATGATCCAGCAATCAAGAGTAACAGTCTGTATCAAACTC 1577
Db      2489 TTATACACATTTAATCACTCCAAATTCAGCTGTATTAAGCAATTCACCTGGAGCTGCTTC 2548
Qy      1578 TAAAGTAAATGAGACCTGTGTCATACAGAGAAATCTGTTATTTACAAAGTCAAG 1637
Db      2549 TAAAGTGTGTAAGGACCTGTGTCATACAGAGAGGATTTATGATTTCAAAAGTCA--- 2605
Qy      1638 GCGTTTAAAGATTAACATGTAGAACTCTTAATTTACACATCTTATTAATTAAGTCTTG 1697
Db      2606 ---TTTCAAAATTCATGTCAACACTCAAAATTTCAACATCGATTTTATTAAGAAATTCG 2662
Qy      1698 ATAGCTTAACAAATGTGTGTAATTAATCTCTTAATATCTCTTAATTAACAGAGAGT 1757
Db      2663 TTATGCTTCAAAATGAGAGCGCAAAATCTGAGCTGTATTAATCTTGTATCCAGGGGT 2722
Qy      1758 AATAGAAATACACCTCAACGACTCAACACACTTTTCTGTACAAATTAATTAATTT 1817
Db      2723 AGCAGAACTG---GATAGGACATCAACCCACTTTTCTGTACAGATTTATAGAAATTT 2779
Qy      1818 ACAATACGAGATTTTGGATTTTCATTTCCAAATTCAGATACATTAACCTTTAAATCG 1877
Db      2780 AAAATTAATAAGATTTTCAGTACTTAGAATTTTCTAACAGAGTGAAATTTGCTCCAAATCA 2839
Qy      1878 AAAATACATTTATTTATTTATTCGTGACAGATGAT---CAATTCATTTTAATCATTTGA 1934
Db      2840 AAAATATATCTTGTGTGTTAATCGTTGCGATGTATTAACAAACACAGATCAATTTATTTGA 2899
Qy      1935 TAAATTTGAATTTTATACCAATTAATCTCTCTGTACGCGCAAAATTTAGAGAAAACAAATTT 1994
Db      2900 TAAATTTGAATTTTCTGCAATTAATCTCTCTATTAAGAGATTAAGAGAAAACAAATTT 2959
Qy      1995 AGAAACTATCCAAACAAATTAATTAATCAATTTTCACAATCATTAACAAATTAATTTAA 2054
Db      2960 AGAAACAGTACAAACAAATTAATTAATTAATCAATTTTATTAAGAAATCTTAAATTAAC 3019
Qy      2055 TATGAAAGCCCAACATCTGTATTTGATTTA 2085
Db      3020 ATCAGAACTTACAGATTAATGACATGATCA 3050

RESULT 5
AA93059
ID      AA93059 standard; DNA; 4571 BP.
AC      AA93059;
XX      27-AUG-2003 (revised)
DT      25-MAR-2003 (revised)
DT      30-MAY-1990 (first entry)
XX      Delta-endotoxin crystal protein gene.
XX      DE
XX      Delta-endotoxin; crystal protein; insecticide; pch130; ss;
KW      biological control agent.
OS      Bacillus thuringiensis; israeliensis.
XX      FH
XX      Key      location/Qualifiers
XX      RBS      879..884
XX      FT      /*tag= b
XX      FT      /*tag= Shine-Dalgarno sequence.
XX      FT      misc_feature
XX      FT      891..4430
XX      FT      /*tag= a
XX      FT      /product= "delta-endotoxin crystal protein"
XX      PN      EP296870-A.
XX      PD      28-DEC-1998.
XX      PF      24-JUN-1988; 88EP-00305772.

```

```

XX      26-JUN-1987; 87US-00067653.
PR      (DUPO) DU PONT DE NEMOURS & CO E. I.
XX      PA
XX      PI      Ellar DJ, Ward ES;
XX      DR      WPI; 1989-001322/01.
XX      DR      P-PSDB; AAP93715.
XX      FT      DNA fragment encoding insecticidal protein - obtd. from Bacillus
XX      PT      thuringiensis sub species israeliensis, and used in microorganisms and
XX      PS      plant cells.
XX      PS      Disclosure; Fig 7; 26pp; English.
CC      The sequence encodes the 130 kDa delta-endotoxin gene from B.
CC      thuringiensis subsp. israeliensis and is a 4.46 kb insert of pch130. The
CC      delta endotoxin protein is insecticidal and can be used to control insect
CC      pests esp. mosquitos. See also AA93054. (Updated on 25-MAR-2003 to
CC      correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX      SQ      Sequence 4571 BP; 1678 A; 685 C; 817 G; 1391 T; 0 U; 0 Other;

Query Match      16.0%; Score 334.6; DB 1; Length 4571;
Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 1,1e-46;
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 655; Indels 38; Gaps 7;

Qy      499 TATATAACGCTATTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 558
Db      1494 TATATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1553
Qy      559 CAACAGAGTGTGAATTTGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 618
Db      1554 AATCAACCGCTCAATTTGAAGCGTATTTAAAAAACAATGACAAATTCGATTAATTTAGAG 1613
Qy      619 CCTATGCTGGAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 678
Db      1614 CTTTGGC---ACACGATTTGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1670
Qy      679 AGTAACTATTGTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 738
Db      1671 ACTAATTTATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1730
Qy      739 ATGATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 798
Db      1731 AGTAACTTTGATGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1790
Qy      799 ATGCTCAATTTCTTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 858
Db      1791 ACTGCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1850
Qy      859 GGCATTAACCTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 918
Db      1851 GGTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1903
Qy      919 ACTTAACCTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 978
Db      1904 AAGCCCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1963
Qy      979 CTTAGATTAATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1038
Db      1964 TTTATTTATTTGCTTTGATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAT 2023
Qy      1039 AATGCTTTAGTGTGATTTGCAATCGTAATGATCTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTT 1097
Db      2024 TTTTTCACGAGCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2083
Qy      1098 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1157
Db      2084 TAGGTTTTTGAATATCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2143
Qy      1158 CTATTAAGTTTCAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1217

```

```

Db      2144 TATTTATTTTTTTTTTAAATGTCATAGCTTGAATAAATATCTAAATGATATAA
Qy      1218 ATACTTACATTTATTCATAATGAACTTTATTTAAATTAATTCACCTGATATAATTAAC
Db      2204 TAAATTTAGTAAATGATTTTTTTTATTAATAATGATAGTACTTTGGAGAAAGACT
Qy      1278 ATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAAATGATAAAAAACAATGATTTTCAATTTCTGT
Db      2264 TACAGCAGATCTGGGCAATTAATCTATGATGTAATAAAAATTTTCCGGTTACCAAT
Qy      1338 AAAAAAGACTGTAACCAATATTAATCCAAATGTTTACCAAGCTATTAATGTTTAG
Db      2324 TCTTAAACGAAGAGATCAAGGAAACCTTACCTTTTCCAAATATGATTAATAG
Qy      1398 TCATATTTTATCCAGTTTCTTATTTATTAATTTCCATATAAATGATAGGCTAAA
Db      2384 TCATATTTTATCTATTTATTAATAAGTCTTAGTATCC-----TGCACATA
Qy      1458 TATATTTATATACAGTGCATTTAGATGACACACAGATGTTTATTAATAATGCAAT
Db      2429 TAAAACTCAAGTATAGTATGTTGCTTGACACACTAGTGTGATCTTAAAAATACAT
Qy      1518 ATCAGATATAATATTAATCATGATCCAGCAATCAAGATTAACAGTCTTGATACAACTC
Db      2489 TTATACACATTTTAACTACCCAAATTCAGCTGTAAAAAGCGAATTCACCTGGACTGCTC
Qy      1578 TAAAGTATTTGAAGAGCTGGTGCATACAGAGAGAACTGGTTATTTACAAAGTCAAG
Db      2549 TAAAGTGTCTCAAGAGCTGGTGCATACAGAGAGAACTTTAATTAATTTCAAAAGTCA---
Qy      1638 GCGTTTGAAGATTAATCATGATGAACTCTAATTTTACACAATCTTATTAATTAAGCTTCG
Db      2606 ---TTTCAAAATTAATCATGATGAACTCAAAATTTTCAACAATCGTATTTAAGAATTCG
Qy      1698 ATACGCTACAAATGCTGCTGAATATCTTCTTAATATCTTTTCAATACAGAGAT
Db      2663 TTATGCTTCAAAATGAAAGCGCAATCTCGAGCTGTATTAATCTTTGATATCCAGGGGT
Qy      1758 AATGAAATTCACCTCAAGACTCAACAACTTTTCTGGTCAAAATTAATTAATTT
Db      2723 AGCGAACTG---GATATGGACTCAACCCCACTTTTCTGGTCAAGATTAATGAAATTT
Qy      1818 ACAATACGAGATTTGGGTAATTTCAATTTCAAGTACAGTAACTTACCTTTAAATCG
Db      2780 AAAATATAAGATTTTCACTAGATTTTCTAAGAGGTGAATTTGCTCAAAATCA
Qy      1878 AAACATACCATTTATTTATTTATGTCGATGAT---CAATTCATTTTATCATTTGA
Db      2840 AAACATATCTCTGTGTTTATCTGTGATGATATACAAACAAACAGTACTTATTTGA
Qy      1935 TAAATTTGAATTTTATACCAATTTACTCTCTGTGAGCGCAAAATAGAGAAAAAATTT
Db      2900 TAAATTTGAATTTTCTGCAATTTACTCTGTTCTATTAAGAGAGATTAAGAGAAAAATTT
Qy      1995 AGAAATCATTCACAAACAAATTAATTAATTTTCACAATCATCAAAAAATTTACTTTAA
Db      2960 AGAAACAGTACCAACAAATTAATTAATTTATGCAAAATCTTATAAAAAAGCTTTACA
Qy      2055 TATGAAGCCCAACATATGATTTGATTA 2085
Db      3020 ATCAGAACTTACAGATTAATGACATAGATCAA 3050

```

RESULT 6
ID AAN81490 standard; DNA; 4934 BP.

AC AAN81490;
XX
DT 24-OCT-2003 (revised)
DT 05-NOV-1990 (first entry)
XX

```

DE Insecticidal (Diptera) protein gene.
XX Insecticidal protein gene; Diptera; Aedes; ss.
XX Bacillus thuringiensis serovar israelensis.
OS
FH
FT CDS
FT 1..4908
FT /product= "a
FT /tag= "insecticidal protein"
FT intron
FT 620..1358
FT /tag= b
XX
XX JP63230090-A.
XX
XX 26-SEP-1988.
XX
XX 19-MAR-1987; 87JP-00066844.
XX
XX 19-MAR-1987; 87JP-00066844.
XX
XX (SUMO ) SUMITOMO CHEM IND KK.
XX
XX WPI; 1988-311968/44.
XX
XX P-P-SDB; AAP81034, AAP82589.
XX
XX
XX New insecticidal protein of bacillus thuringiensis israelensis strain -
XX prepd. by isolating plasmid contg. insecticidal protein gene by forming
XX gene library from plasmid deoxyribonucleic acid, etc.
XX
XX Disclosure; Page ?; 9pp; Japanese.
XX
XX A plasmid contg. the gene is isolated by forming a gene library from
XX CC plasmid DNA of B. thuringiensis israelensis (HD 522 strain, USA Goldberg
XX CC OMR60) followed by screening with anti-israelensis insecticidal protein
XX CC Ig. The insecticidal protein is highly effective against Diptera, esp.
XX CC Aedes. (Updated on 24-Oct-2003 to standardise OS field)
XX
XX
XX Sequence 4934 BP; 1797 A; 749 C; 877 G; 1511 T; 0 U; 0 Other;
SQ

```

```

Query Match 16.0%; Score 334.6; DR 1; Length 4934;
Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 1,1e-46;
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;
Qy 499 TATTAACGCTATTTACTATTTATTTATGCGAAGCTGTAATTTTCAATTTAATTTATTA 558
Db 1972 TATTAACGCTATTTACTATTTATTTATGCAAGCAGCAAACTTATCTGATGATTTA 2031
Qy 559 CAACAAAGTGTGAATTTGGCTGATGATGAAATGCAATATACATCTTCAAAATTTGA 618
Db 2032 AATCAAGCGTCAAAATTTGAAGGTATTTAAAAACAATGCAATTCGATTTATAGAG 2091
Qy 619 CTTATGCTGGAACATCAATGCTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATTAATATAT 678
Db 2092 CTTTGGC--AACACCAATTAATTTATTTATCCAGTTTGACTTAACTTGAAGATTTAC 2148
Qy 679 AGTATGCTTGTGCAATATCTTATAGAGAGCTAATTAATTTTGAACGAACTTAAT 738
Db 2149 ACTAATTTATTTGTTAACAACTTTTAAAAAGATTTAAATTTATTTAAAAAGAGCCTGAT 2208
Qy 739 ATGAGATGAGATTAATTTATGATTTATCGAAGATATATGATCTATTTAGTACT 798
Db 2209 AGTAAATCTTGATGGAATATTAACCTGGAACATTAACATATCGTATGAAACAAATATGACT 2268
Qy 799 ATGCTCATTTTCTTTTATGATATTAAGAGATACAAAGATTCATAGGAATATAGT 858
Db 2269 ACTGCTGATTAATGATCTGTGCACTCTTCCATTAATTAATGATGATTAATTCACATA 2328
Qy 859 GGCATTTAAACGTAAGCTTCAAGAGAAATTTATTAACAAGTAAATTAATTTTGAACGCTTT 918
Db 2329 GGTGTCAATCTTAATCTTACGAGAAATTTAT-----CAGTACTTATCTTGAAGA 2381
Qy 919 ACTTACCTTGAATTTCAACCAATCTCGCTATTAATGAAATTAATTTAACAAGTTCAGGG 978

```

```

Db      2382 AAGCCCTATAATATGACTTCAATATCAAGAGATTCACCTACACCGTAGCCGCA 2441
Qy      979  CTATGATATTTTCAATTTTGAAGAACTTATTTTATACAAAAATGAAACGACGGG 1038
Db      2442 TTTATTTTACCTGGCTTGATCTTTGAAATTTTATGAAAAACGCAACTCTCTCTAATPA 2501
Qy      1039 AATGCTTAGTGGTATGCGAATCGTAATAGATCTACTT-ATGCTACGACAGGAATCGA 1097
Db      2502 TTTTTCACGACGCAATTAATATGTTTCAATACACTTGATTAATATCCAAAAATC 2561
Qy      1098 AATTATATATGAGAAAAGAACAGGTCCACCAACAAAACTTTAATACATTTGAATC 1157
Db      2562 TAGTGTTTTGAATATCAATATGTAATGATTAATTAATTAATCTGTGGTTGGCAACAA 2621
Qy      1158 CTATTAAGTTCAATGTTAACTGATAGCAAGTAATCTCTTCCCTTTTCTTAAT 1217
Db      2622 TATTTATATTTTATTTATTAATGTCATAGCTTATGATTAATTAATCTAATGATTA 2681
Qy      1218 ATACTTTCAATTAATCAAAATGAACTTATTTAATTAATTAATCACTAGTAATTAAT 1277
Db      2682 TAAATTTTGTAAATGCAATTTTATTAATCTAATGTAATGTAATCTTGGAGAAAGAACT 2741
Qy      1278 ATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTTCCCTGT 1337
Db      2742 TACAGCAGATCTGGGCAATTAATCTATGATGTAATTAATTAATTTTCCGGTTACCAAT 2801
Qy      1338 AAAAAAGACTGTAACCAATTTATTAATCAATTTTACCAAGCTAATTAATGATTATAG 1397
Db      2802 TCTTAAACGAAGAGATCAAGAAACCTTACCTTTTCCACATATGATTAATGATAG 2861
Qy      1398 TCATATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAATTAATTTCCATAAATGATTAAGGCTAA 1457
Db      2862 TCATATTTTATCAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2906
Qy      1458 TATATTAATATCAGGTGATTAAGATGAGACACACAGTATTAATTAATTAATTAATTAAT 1517
Db      2907 TAAACCTCAAGTATATGTTTGTGCTGACACACCTGATGTTGATCTTAATAAATACAT 2966
Qy      1518 ATCAGATTAATTAATTAATGATCCGACATCAAGGTAACAGTCTTGAATACAACTC 1577
Db      2967 TTATACATTTTAACTACCCAAATTCAGCTGTAAACGAAATTCACCTGGGACGTGCTC 3026
Qy      1578 TAAGGATTAAGGACCTGTCATACAGAGGAACTTGTTATTTATTAACAAAGTCAAG 1637
Db      3027 TAAAGTGTTCAGAGCTGTGTCATACAGAGGAGGATTAATGATTTTCAAAAGATCA--- 3083
Qy      1638 GCGTTTGAAGATTAATGATTAAGAACTCTAATTTCTACACATCTTATTAATTAAGCTTCG 1697
Db      3084 ---TTTCAAAATTAATGATTAAGAACTCTAATTTTCAACATCTGATTTTATTAAGAAATCG 3140
Qy      1698 ATACGCTACAAATGCTGTGAATTAATCTTCTTAATATCTCTTACAAATCAAGAGT 1757
Db      3141 TTATGCTTCAATGGAAGCGAAATATCTGAGCTGTATTAATCTTATGATCCGAGGCT 3200
Qy      1758 AATGGAATACCACTCAACGATCAACACACTTTTCTGTGCAATTAATTAATTAATTT 1817
Db      3201 AGCAGAACTG---GGTATGCACTCAACCCACTTTTCTGTGTAAGATTAATCAATTT 3257
Qy      1818 ACAATACGAGATTTTGGGATTTTCCATTTTCCAAATTCAGATTAATCACTTAATTCG 1877
Db      3258 AAAATTAATTAATTTTCACTTATGATTAATTTTCTTAACAGAGTGAATTTGCTCCAAATCA 3317
Qy      1878 AAACATACATTTTATTTAATGTCGAGATGAT---CAATTTCAATTTTATCAATTTGA 1934
Db      3318 AAACATATCTCTGTGTTTAAATCGTTCCGATGATATATCAAAACAAACAGATTAATTTGA 3377
Qy      1935 TAAATTAATTTATTAACCAATTAATCTCTGTGTAAGCAAAATTAAGAAAAATTAATTT 1994
Db      3378 TAAATTAATTTTCTGCAATTTACTGCTGTATTAAGAGGATTAAGAAAAATTAATTT 3437
Qy      1995 AGAACTATCAAAACAAATTAATTAATCAATTTTCACAATCAATCAAAATTAATTTACTTTAA 2054

```

```

Db      3438 AGAAACAGTACAAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3497
Qy      2055 TATGAAGCCGCAACTATGATTAATTTAA 2085
Db      3498 ATCAGAACTTACAGATTAATGACATGATCA 3528

RESULT 7
AAQ14669
ID  AAQ14669 standard; DNA, 3543 BP.
AC  AAQ14669;
AC  27-AUG-2003 (revised)
DT  25-MAR-2003 (revised)
DT  04-FEB-1992 (first entry)
XX  Dipteran active toxin gene.
XX  Insecticide; B.t. crystal; delta endotoxin; cryIIA, ss.
XX  Bacillus thuringiensis serovar morrisoni.
OS  Key 1. .3543
FH  CDS /*tag= a
FT
FT
XX  EP457498-A.
XX  21-NOV-1991.
XX  09-MAY-1991; 91EP-00304180.
XX  15-MAY-1990; 90US-00524255.
XX  01-OCT-1990; 90US-00590903.
XX  (MYCO ) MYCOGEN CORP.
XX  Sick AD;
XX  WPI; 1991-341902/47.
XX  DR  P-PSDB; AAR14373.
XX  PT  Bacillus thuringiensis genes encoding diptera-active toxins - and
XX  transformed microbes used to control insects in various environments.
XX  Claim 1; Page 10; 20pp; English.
XX  The sequence was obtd. from plasmid pMYC1625 which was isolated from a
XX  genomic library prepd. from DNA from B.t. PS71M3 (from B.t. PS71M3-69
XX  (NRRL B-18515)). It is related to the cryIIA family of genes, the 140 kd
XX  endotoxin gene and the type II gene from B.t. var. israelensis. The gene
XX  encodes a 130 kd protein. Microorganisms transformed with the DNA may be
XX  administered to dipteran insects or their environments, the expressed
XX  toxin acting as an insecticide. See also AAQ14670-014672. (Updated on 25
XX  -MAR-2003 to correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS
XX  field.)
XX  Sequence 3543 BP; 1278 A; 567 C; 612 G; 1086 T; 0 U; 0 Other;
SQ
Query Match 15.9%; Score 331.4; DB 2; Length 3543;
Best Local Similarity 53.8%; Pred. No. 3.7e-46;
Matches 856; Conservative 0; Mismatches 697; Indels 38; Gaps 7;
Qy      499 TATTAACGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 558
Db      604 TATTAACGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 663
Qy      559 CAACAGGTGCTGAATGCTGATGAATGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 618
Db      664 AATCAAGCCGCTCAATTTGAAGCGTATTTTAAACAAATGACATTTGATTTATTTAGG 723
Qy      619 CCTAATGCTGGAACATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 678

```

```

Db      724 CTTTGGCC---AACGAGATTGATTATATCCAGTATTTGACTAAAGCTATGAGATTAC 780
Qy      679 AGTAATATTGTGCAAAATPACTATAGAGAGACTAAATATAACTGAAAGCAACCTAAT 738
Db      781 ACTAATATTGTGTACAACTTATTAATAAGATTAAATTTAATTAATAAGACGCCGTGAT 840
Qy      739 ATGAGATGAGATATATTTAATGATTATGAGATATATGACTATATCTGATTTAGATATCT 798
Db      841 AGTAATCTTGATGGAATAATATACTGGAAACATACATAGATGATGCAACAAAATGACT 900
Qy      799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATAAGATATCAAAATTCATATGAGAGATATGCT 858
Db      901 ACTGCTATATGATCTGTGTGCACTCTTCTTAATATGATATGATATGATATATCATATA 960
Qy      859 GGCAATTAACCTGAACTTACAGAGAAATTTATATCAATGAAATTAATTTGACCGCTT 918
Db      961 GGTGTCCAAATCTGAACCTTACTCGAATAATTTAT-----CAGGTACTTAACCTTCGAGA 1013
Qy      919 ACTTACCTTGAAATTCACCAATCTGCTATTAATGAAATTAATTTAACAAGTTCAGGG 978
Db      1014 AAGCCCTATATATATATGATCTTCAATATCAAGAGATTCACTTACAGGTACACGCCA 1073
Qy      979 CTATGATTTATTTTATTTTATGATGAACTTATATTTATACAAAATGAAAGCTACGG 1038
Db      1074 TTTATTTACTGCTGCTTATCTTGTGAATTTTATGAAATAAGCCGAACTACTCTAATTA 1133
Qy      1039 AATGTTAGTGTGATTTGCGAATCGTAATGATCTACTT-ATGCTACGACAGGACTGA 1097
Db      1134 TTTTTCACCGACCATATATATATGTTTCACTTACACCTTGATATATATCCAAAATC 1193
Qy      1098 AATTATATATGAGAGAAAGAACAGGTCCACCAACAACAACTTTAATACCATTTGAATC 1157
Db      1194 TAGGTGTTTGGAAATCAACAATGTAATGATTAATTAATCTCTGTTTGGCAACAA 1253
Qy      1158 CTATAAAGTTTCAATTTGTAATGATGACAGATTAATCTTCTCCCTTTTCTTAAT 1217
Db      1254 TATTTATATTTTATTTAATATGCTATAGTAAATTAATTAATCTTAATGATTTTAA 1313
Qy      1218 ATATCTTACATTAATATCAATTTGAACTTATTTAATTAATTAATCACTGATTAATTAAC 1277
Db      1314 TAAATTTAGTAAATGATTTTATTAATGATTAATGATTAATGATTTTGGAGAAAGACT 1373
Qy      1278 ATATTTAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTTCAATTTCTGT 1337
Db      1374 TACAGCAGATCTGGGCAATTAATCTATGATGATTAATTAATTAATTTTCGGTTACCAAT 1433
Qy      1338 AAAAAAGACTGTAACCAATTAATTAATCCAAATTTGTTACCAAGCTATTAATGATTAG 1397
Db      1434 TCTTAAACCAAGAGATCAAGCAATCCCTTATCCCTTTTCCAAATATGATTAATCTATAG 1493
Qy      1398 TCATATTTTATCCAGTTTCTTATTTATTTAATTTCCATTAATTAATTTGATTAGGCTAAA 1457
Db      1494 TCAATTTTATCATTTATTTAATAAGCTTTATGATATCC-----TGCAACATA 1538
Qy      1458 TATATTTATATACAGTGCATTTAGATGAGACACAGATGATGTTAATGAAATTAATGCAAT 1517
Db      1539 TAAAACTCAAGTATATGTTTGTGGACACATCTATGTTGATCTTAAATAATACAT 1598
Qy      1518 ATCGATTAATAATTAATTAATGATCCCAAGCATCAAGGTTACAGTCTTGATACAACTC 1577
Db      1599 TTATACATTTAATCTACCCAAATTCAGCTGTAAAGCGAATTCACCTGGGACCTGCTTC 1658
Qy      1578 TAAAGTATTTGAGAGACCTGCTCATACAGAGAACTGGTTTATTTAACAAGCTCAAG 1637
Db      1659 TAAAGTGTCTTCAAGAGACCTGCTCATACAGAGAGAACTTTAATTAATTTCAAAAGTCA--- 1715
Qy      1638 GCGTTTGAAGATTAATGATGAACTCTTAATTTACACAATCTTATTAATTAATTAATGCTCG 1697
Db      1716 ---TTTCAAAATTAATGATGAACTCAAAATTTTCAACAATGATTTTATTAAGAAATTCG 1772
Qy      1698 ATACGCTAACAAATGCTGGAATATCTTCTTAATTAATCTTATACATATACAGAGAT 1757

```

```

Db      1773 TTATGCTTCAATATGAAAGCGCAAAATACACAGCTGTTATTAATCTTAGATATCCAGGG- 1831
Qy      1758 AATAGGAATATACCACTCAACGACTCAACAAACATTTTCTGGGTACAAATTAATTAATTT 1817
Db      1832 --TAGCAAGACTGGGATATGAGCACTCAACCCCACTTTTCTGGTACGATTTATACAAATTT 1889
Qy      1818 ACAATACGAGATTTTGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACATTAACCTTAATATCG 1877
Db      1890 AAATATTAAGATTTTCAATGACTTAATTTCTAACAGAGGTGAATTTGCTCCAAATCA 1949
Qy      1878 AAACATACATTTATATTTATATGTCAGATGAT--CAATTCATTTTATCTTGA 1934
Db      1950 AAACATATCTCTGTGTTAATATGTTGAGATGATTAATTAACAAACAGATCTTAATTA 2009
Qy      1935 TAAATTTGATTTATATCAATTAATCTCTGTAAGCCCAAAATTAAGAAACAAAAATTT 1994
Db      2010 TAAATTTGATTTTCTGCAATTTACTGTTCTATATAGAGAGATAGAGAAACAAAAATTT 2069
Qy      1995 AGAACTATTCCAACAAATAATTAATCAATTTTTCACAAATCATACAAATAATTAATTA 2054
Db      2070 AGAAACAGTACAAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2129
Qy      2055 TATAGAACCAACAATATGATTTGATTAA 2085
Db      2130 ATCAGAACTTACAGATTAATGACATGATCA 2160

```

RESULT 8

AA081178 standard; DNA; 3543 BP.

AA081178;

25-MAR-2003 (revised)

12-AUG-1995 (first entry)

B. t. toxin PS71M3 gene.

Delta-endotoxin; crystal protein; biological control agent; Calliphoridae;
 worm; sheep blowfly; Lucilla; Phormia; Calliphore; insecticide;
 B. t.; B. t.; B. t.

Bacillus thuringiensis.

MO9502694-A2.

26-JAN-1995.

13-JUL-1994; 94MO-US007902.

15-JUL-1993; 93US-00093199.

(MYCO) MYCOGEN CORP.

Hickie LA, Payne J;

WPI; 1995-067338/09.

P-FSDB; AAR63078.

Method for controlling Calliphoridae pests - specifically utilizes

Bacillus thuringiensis isolates or toxins.

Disclosure; Page 36-38; 50pp; English.

A library was constructed from *Bacillus thuringiensis* PS71M3 total
 cellular DNA in lambda Gem-11. Plasmid pMTC1625, selected in *Bescherichia*
 coli, contained a 8.0 kb insert expressing a beta-endotoxin gene. This
 was sequenced (AA081178). A cured, acrysaliferous B. t. host carrying
 pMTC1625 produced a 130 kDa crystal protein (AAR63078) toxic to
 calliphorids. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PN field.)

Sequence 3543 BP; 1278 A; 566 C; 612 G; 1087 T; 0 U; 0 Other;

XX Wojsciehowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;
 PI Chestukhina GG;
 XX WPI: 2002-403936/43.
 DR P-PSDB; AAE26353.
 XX Novel isolated delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26a1 and
 PT cry28a1 isolated from *Bacillus thuringiensis finitimus*, that encodes
 PT toxin active against insects, useful for controlling insects.
 XX
 PS Claim 1; Page 33-37; 42pp; English.

XX The invention relates to isolated delta-endotoxin nucleic acid molecules,
 CC cry26a1 and cry28a1 isolated from *Bacillus thuringiensis finitimus*,
 CC that encode a toxin that is active against insects. The invention is
 CC useful for producing an insect-resistant plant, by introducing the
 CC nucleic acid molecule into the plant, where the nucleic acid is
 CC expressible in the plant in an effective amount to control an insect. The
 CC invention is useful for producing a toxin that is active against insects
 CC by obtaining the transgenic host cell and expressing the nucleic acid
 CC molecule in the host cell, which results in the toxin that is active
 CC against insects. The toxin is useful for controlling an insect by
 CC delivering to the insect an effective amount of toxin. The invention is
 CC useful for controlling insects. The toxin is useful for inhibiting the
 CC ability of insect pest to survive, grow or reproduce, for limiting insect
 CC -related damage or loss in crop plants, and to prophylactically treat
 CC insect susceptible areas or plants to confer protection or resistance
 CC against harmful insects. The present sequence is *Bacillus thuringiensis*
 CC ssp. *finitimus* cry28a1 gene
 XX

SQ Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 8.9e-18;

Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

QY 153 AGGTGCTATATATATATCTTTGGTACCTTAATCACTGCTCTTTGGCCCGGAGAGACA 212
 DB 1293 AGGTGTGTACTTATATCATTTGGAACTTGCTCCGCTCTTGGCCGTGATCCAGAGA 1352
 QY 213 AGA---CAAAACAGTATGAGACAAATTTAAATGAGAAATTTTGTGATACACC 269
 DB 1353 AGATCCAAAATAATTTGTACAAATTTATGAAACAGGAAACCTTTAAATCAAAC 1412
 QY 270 GTTAAACAGAAAGCATAAACAGTAAAGTTCAACTTTGAGAGATTAGACAATATT 329
 DB 1413 AATTTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATTTAGCTCATTAATGTTTAAAGATGATT 1472
 QY 330 ACAAAGTATATATACAGCATTAATGATGAGAAATTTAAAGACTTACAAAGCTCTGG 389
 DB 1473 AACGTACTATGAAAGACATTTATGATGAGAAATCAAGTCAAAATCTGCAG 1532
 QY 390 ATTACCAACCATCATCAGCATTTACAAAGCTCTTGACTTTAAATAGATTGAGAA 449
 DB 1533 ATTGGTATCACAGA-----GATTTGAAAA 1556
 QY 450 TGTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAATTAAGGCT 509
 DB 1557 CGCTCATTTCAATTTGTGAAGCATATGCCCAACTCCAACTTCCGATGACATTT 1616
 QY 510 ATTATCTACTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTATTAACAAGGTGC 569
 DB 1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAACTGCAAAATTTACATTTGAATTTATTAACAAGGTGT 1676
 QY 570 TGAATGGCTGATGAAGGAATGAGATATATCATCTTCAACAATTTGAACCTATGCTGG 629
 DB 1677 ACAATTCGCGGATGAAGGAATGAGATCAACCATTCACCAAT-----GTTGAA 1727
 QY 630 AACATCAGATGACTATTTAATTAACCTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAACTATTG 689
 DB 1728 GTATATCAGTACTATTATATGACAGCTATTTGTATATATTTGAAAGATATATTAATTG 1787

QY 690 TGCAAATACCTATAGAGAAAGACTAAATTAACCTTGAAACGAACCTAATATGATGAG 749
 DB 1788 CACCAAGACATACCATTAAGGATTTGAATCACCTTAAGATCGAATAATCATGGGA 1847
 QY 750 TATATTTAATGATTTACGAAGATATATGACTATATCTGATTTAGATACATGCTCAATT 809
 DB 1848 TGCTTATTAACATATGCTGAGAAATGACCTTAATTTATTTGATCTTGTGCAACTTT 1907
 QY 810 TTCTTTTATGATATA 825
 DB 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 10

ADPF31301

ID ADPF31301 standard; DNA; 4896 BP.

XX ADPF31301,

AC 12-FEB-2004 (first entry)

DE *Bacillus thuringiensis* serovar *finitimus* pF2 DNA clone.

KW Cry28a1; cry28a1; delta-endotoxin; insect pest control;

KM transgenic plant; insect resistance; insecticide; gene; ds.

OS *Bacillus thuringiensis* serovar *finitimus*.

FN Key Location/Qualifiers

FT CDS 1129..4458

FT /tag= a /product= "Cry28a1 delta-endotoxin protein"

PN US2003150018-A1.

PD 07-ANG-2003.

PF 15-JAN-2003; 2003US-00345020.

PR 07-JAN-2001; 2000US-0175158P.

PR 08-JAN-2001; 2001US-00756526.

PA (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.

PA (LEWI/) LEWITIN E I.

PA (ZALU/) ZALUNIN I A.

PA (REVI/) REVINA L P.

PA (CHES/) CHESTUKHINA G G.

PI Wojsciehowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;

PI Chestukhina GG;

DR WPI: 2003-697623/82.

DR P-PSDB; ADPF31302.

PT New isolated nucleic acid molecule encoding a toxin that is active

PT against insects useful for controlling insect pests or for conferring

PT insect resistance in plants.

PS Claim 7; SEQ ID NO 3; 42pp; English.

XX The present invention relates to the isolation of novel cry26a1 and
 CC cry28a1 delta-endotoxin genes from *Bacillus thuringiensis* ssp.
 CC *finitimus*. The sequences for the delta-endotoxin polypeptides are also
 CC disclosed. The invention provides methods for producing the toxins and
 CC compositions containing the toxins. The methods and sequences of the
 CC invention are useful for controlling insect pests in transgenic plants to
 CC confer insect resistance. The present sequence represents a DNA clone
 CC that contains the coding sequence for cry28a1 delta-endotoxin.
 XX

SQ Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 10; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 8.9e-18;

Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

QY 153 AGGTGCTATATATATATCTTTGGTAACCTATATACCTCTCTTTGGCCCGGGAGAAC 212
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATATATATGAACTTGTGCTCCCTCTTGGCTGTATCCAGAGA 1352
QY 213 AGA---CAAAACAGATATGACACATTTATTTAAATGGGAAATTTTGTGATACAC 269
Db 1353 AGATCCAAAAAATTTGTGTACATTTATGAAACAGGAGAAAGACCTTTTAATCAAC 1412
QY 270 GTTAAACAGAAAGCATTAACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATAT 329
Db 1413 AATTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATGTACTATTAATGGTTTAAAGATGAT 1472
QY 330 ACAAGCTATATATACAGATTTAGATTTGAGAAATTTAAAGACCTACAGAGCTCTGG 389
Db 1473 AACGTACTATGAAAGAGCATTTAATGATTTGAGAGAAATCCAGTGAATATCTGCAG 1532
QY 390 ATTACACCATCATCAGCATTTACAAACAAGCTGCTTACTTTAAATACGATTTGAGAA 449
Db 1533 ATTGTATACAGA-----GATTTGAAAA 1556
QY 450 TGTTCACAATGATTTTATTCAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACTTAAACGCT 509
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCCAACTCCAACTCCAGTATGACATTT 1616
QY 510 ATTACTACTTATTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCTTTAATTTATTTACAAAGTGC 569
Db 1617 ATTATTAAGTGTATACAGAAAGCTGCAAAATTTTCAATTTGATTTATACATCAAGGTGT 1676
QY 570 TGAATGGCTGATGAAATGAGATGATATCATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGG 629
Db 1677 ACAATTCGGGATCATGAAATGAGATCAACCATTCACCATTCACCAT-----GTTGAA 1727
QY 630 AACATCAGATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATATG 689
Db 1728 GTGCTACAGTACTTATTTATGACAGCTATTTGATATATTTGAAAGTATATTAATATTTG 1787
QY 690 TGCATATCTTATGAGAGAGATTAATTAATCTTGAACAGACCTAATATGAGATGAG 749
Db 1788 CACCAAGCATACATTAAGAGATTTGAATCACCTTTAAGATACAGAAAAATCACATGCGA 1847
QY 750 TATATTTATGATTTATGAGATATATGATTTATCTGATTTATGATACCTGCTCATTT 809
Db 1848 TGTCTTATACATATTCGTGCAAGATACCTTATTTGATTTGATTTGCTGTGCACTTT 1907
QY 810 TTCTTTTATGATATA 825
Db 1908 TCTTTTATGATATA 1923

```

RESULT 11
ADP31306
ID ADP31306 standard; DNA; 4896 BP.

XX
XX ADF31306;
XX AC
XX 12-FEB-2004 (first entry)
XX
XX Bacillus thuringiensis serovar finitimus pF2 DNA clone.
XX
XX CRY26Aa1; cry28Aa1; delta-endotoxin; insect pest control;
XX transgenic plant; insect resistance; insecticide; gene; ds.
XX
XX Bacillus thuringiensis serovar finitimus.
XX
XX Key Location/Qualifiers
XX FT CDS 1129..4458
XX FT /tag= a
XX FT /product= "Cry28Aa1 delta-endotoxin protein"
XX
XX US2003154510-A1.

PD 14-AUG-2003.
XX
XX 15-JAN-2003; 2003US-00342821.
PR 07-JAN-2000; 2000US-0175158P.
PR 08-JAN-2001; 2001US-00756526.
XX
XX (WOJC/) WOJCIECHOWSKA J A.
PA (LEWIT/) LEWITIN E I.
PA (ZALUN/) ZALUNIN I A.
PA (REVU/) REVINA L P.
XX (CHES/) CHESTUKHINA G G.
XX
PI Wojciechowska JA, Lewitin EI, Zalunin IA, Revina LP;
PI Chestukhina GG;
XX
XX WPI; 2003-897757/82.
DR P-PSDB; ADF31307.
XX
XX New delta-endotoxin nucleic acid molecules, cry26Aa1 and cry28Aa1, useful
PT for controlling insect pests and for conferring insect resistance.
XX
XX Claim 7; SEQ ID NO 3; 422p; English.
XX
XX The present invention relates to the isolation of novel cry26Aa1 and
XX cry28Aa1 delta-endotoxin genes from *Bacillus thuringiensis* ssp.
XX finitimus. The sequences for the delta-endotoxin polypeptides are also
XX disclosed. The invention provides methods for producing the toxins and
XX compositions containing the toxins. The methods and sequences of the
XX invention are useful for controlling insect pests in transgenic plants to
XX confer insect resistance. The present sequence represents a DNA clone
XX that contains the coding sequence for cry28Aa1 delta-endotoxin.
XX
SQ Sequence 4896 BP; 1727 A; 757 C; 887 G; 1525 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 10; Length 4896;
Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 8.9e-18;
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

QY 153 AGGTGCTATATATATCTTTGGTAACCTATATACCTCTCTTTGGCCCGGGAGAAC 212
Db 1293 AGGTGTGTACTTATATATATATGAACTTGTGCTCCCTCTTGGCTGTATCCAGAGA 1352
QY 213 AGA---CAAAACAGATATGACACATTTATTTAAATGGGAAATTTTGTGATACAC 269
Db 1353 AGATCCAAAAAATTTGTGTACATTTATGAAACAGGAGAAAGACCTTTTAATCAAC 1412
QY 270 GTTAAACAGAAAGCATTAACAGCTTAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATAT 329
Db 1413 AATTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATGTACTATTAATGGTTTAAAGATGAT 1472
QY 330 ACAAGCTATATATACAGATTTAGATTTGAGAAATTTAAAGACCTACAGAGCTCTGG 389
Db 1473 AACGTACTATGAAAGAGCATTTAATGATTTGAGAGAAATCCAGTGAATATCTGCAG 1532
QY 390 ATTACACCATCATCAGCATTTACAAACAAGCTGCTTACTTTAAATACGATTTGAGAA 449
Db 1533 ATTGTATACAGA-----GATTTGAAAA 1556
QY 450 TGTTCACAATGATTTTATTCAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACTTAAACGCT 509
Db 1557 CGCTCATTTCAATTTTGTAGCAATATGCCAACTCCAACTCCAGTATGACATTT 1616
QY 510 ATTACTACTTATTTATGCGCAGCTGCTAATTTTCTTTAATTTATTTACAAAGTGC 569
Db 1617 ATTATTAAGTGTATACAGAAAGCTGCAAAATTTTCAATTTGATTTATACATCAAGGTGT 1676
QY 570 TGAATGGCTGATGAAATGAGATGATATCATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGG 629
Db 1677 ACAATTCGGGATCATGAAATGAGATCAACCATTCACCATTCACCAT-----GTTGAA 1727
QY 630 AACATCAGATGACTATTTATTAACCTTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAATATG 689

```

Db 1728 GTGATCAGGTACTTATTATGACGACTATTGGTATATATGAAAAAGTATATTATTTATG 1787
Qy 690 TGCATAATACCTATAGAGAGAGACTAAATTAACCTTCGAACGAACTTATATGAGATGAG 749
Db 1788 CACCAAGACATACATAAAGATTGATTCACCTTTAAAGAAATCAAAAAATCACAATGGGA 1847
Qy 750 TATATTATATGATTATGAGAGATATATGACTTATCTGATTAAGATATCTATGCTCAATT 809
Db 1848 TGTCTTATACACATATGCTGAGAAATGACCTTATATGATGATCTTGTGCGAATCTT 1907
Qy 810 TTTCTTTTATGATATA 825
Db 1908 TCTTTTATATGATATA 1923
RESULT 12
AAQ14670
ID AAQ14670 standard; DNA; 2061 BP.
XX
AC AAQ14670;
XX
DT 27-AUG-2003 (revised)
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 04-FEB-1992 (first entry)
XX
DE Dipteran active toxin gene.
XX
KM Insecticide; B.c; crystal; delta endotoxin; cryIc; ss.
XX
OS Bacillus thuringiensis serovar morrisoni.
XX
FH Key Location/Qualifiers
FT CDS 1..2028
FT /tag= a
XX
PN EP457498-A.
XX
PD 21-NOV-1991.
XX
PE 09-MAY-1991; 91EP-00304180.
XX
PR 15-MAY-1990; 90US-00524255.
PR 01-OCT-1990; 90US-00590903.
XX
PA (MYCO) MYCOGEN CORP.
XX
PI Sick AJ;
XX
DR WPI; 1991-341902/47.
DR P-PSDB; AAR14374.
XX
PT Bacillus thuringiensis genes encoding diptera-active toxins - and
XX transformed microbes used to control insects in various environments.
PS Claim 1; Page 15; 20pp; English.
XX
XX The sequence was obcd. from plasmid pMYC1636 which was isolated from a
XX genomic library prepd. from DNA from B.c. PS71M3 [from B.c. PS71M3-69
XX (NRRL B-18515)]. It is related to the cryIc from B.c. var. israeliensis.
XX The gene encodes a 77 kd protein. Microorganisms transformed with the DNA
XX may be administered to dipteran insects or their environments, the
XX expressed toxins acting as an insecticide. See also AAQ14669-Q14672.
XX CC (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA field.) (Updated on 27-AUG-2003 to
XX correct OS field.)
XX
SQ Sequence 2061 BP; 779 A; 331 C; 319 G; 632 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 7.6%; Score 158; DB 2; Length 2061;
Best Local Similarity 48.3%; Pred.No. 3e-17;
Matches 999; Conservative 0; Mismatches 895; Indels 174; Gaps 13;
Qy 2 TGTGTCAGGAAATACACATATATGATTTGATTTGAGACATTTGCTAGTCTGATACAA 61
||||| ||| ||||||| ||||| || ||||| ||||| |||

Db 149 TGTGTCAGGAAATACACATATATGCAATATATGCGGGGAATTTTGTAGTCTGAAACTA 208
Qy 62 TTGCTCAGATTAGTGCAGGACTATATTGTATCCGGTACTCTGTAGCCGGTATAGTGGG 121
Db 209 TTTGTGAGATTAGTGCAGGATTTATTTGTATAGAACTATGTTAGAGCTTTTGCTGCC 268
Qy 122 TCACTTCTATATCCGACCGATAGAAATATAGTGTCTATATATATCTTTTGGTACC 181
Db 269 -----CTGTCTTAGCTCAGGTATATATCTTTTGGGACTT 304
Qy 182 TATACATGCTTTTGGCCCGGGGAAACAGAAACAAACAGATAGACAACTTATAT 241
Db 305 TGTTCGGATCTTTTGGCAAGATCTGACCCTG--CAATGTTTGGCAGAGATTTGTTAA 361
Qy 242 AAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATAAACAGCTAAAGTTAC 301
Db 362 ACATCGAGAGAGCGCTATACAGAAATATGATTAATAATTAATGATCTAACT--- 418
Qy 302 AAATCTTGAAGGATTTAGCAAAATATTAACAAGCTATATATACAGCATTAAGATTTGA 361
Db 419 ---CTATCGTACACCTATTAATAAATCAACTTGATTAATATCAAGATTTTGTGATAAT 475
Qy 362 GAAATTTAAAGACTACAAAGCTCCGGAATTTCCAGCATCATCAGATTAACAAGCTG 421
Db 476 GGGAGCGACGACGTACACAGCTTAATGCTTAAGCAGTA-CATGATCTTTTACTACTTA 534
Qy 422 CTTTGACTTTAAATATACGATTTTGAAGATTTTCAATGATTTTATCGAANAATCTG 481
Db 535 GAACCTATATATATATAAGTTTATGATGTTTAA----- 571
Qy 482 GTTTCGAATTTGAATTAATAACGCTATTAATCTATCTTATTTATGCGCAAGCTCTAAT 541
Db 572 -----ATATGCTACTATCGAATACCAACTCCCTGATATGCAAAATAGCTACTT 625
Qy 542 TTGATTTAAATTTATATACAAAGGCTGAATTTGCTGATGATGATGATGATGATATAC 601
Db 626 GGCATTTGAATTTATTAACCATGCTGCTACCTATTAACATATATATGCTGCAAAATCAAG 665
Qy 602 ATCCTTACAAATTTGAACCTATATGCTGGAACATCAGATGCTATTTAAACCTTTAAAG 661
Db 686 GT-----ATAAATCGAAGTACTTGAATTCATCTATATTAATCAAGGCTATTTAAAC 759
Qy 662 AAATATACCTTAATATATGATTAATTTGCAAAATCTATATAGAGAGCTATTAATTAAC 721
Db 740 GTAAATATACAAAGATATGACTATGATTAACAAAGTACAAATGACGAGCTAATATGA 799
Qy 722 TTGAAACGAACTATATATGAGATGAGATATTTATATGATTTGCAAGTATATATACATA 781
Db 800 TTGAACCTAATTAATACGCAACATGAAATATGATTAATTAATTAATGATGATGATGATG 859
Qy 782 TTACTGATTTAGTACTATGCTCAATTTCTTTTATGATATATTAAGATACAAAGATT 841
Db 860 TAACTGTGTTAGTCTTATTTGCTATTTTCCAAATTAATGACCCAGAAAATA----- 911
Qy 842 CAATAGAGAAATAGTGGCATTTAAATCTGAACCTTACAAAGAAATTTATACACTGAAA 901
Db 912 -----TCCAAATGAGGTTAAATCTGAATCTTACAGAGAAAGTTTATACAAAGTTA 961
Qy 902 TAAATTTGACCGCTTATCTTACCTGAAATTCGAACCCATCTCGCTATATATGAAATATA 961
Db 962 -----ATTGATATCAATTTGAAACCATATACAACTGAAA 997
Qy 962 ATTTAACAGCTTACAGGGCTAGATTTATTTTCAATTTTATGATGAACTTATTTATACAA 1021
Db 998 ATGATTTAATTAATAATCTTACATTTATTTATCTTGATTAACCAAGGCGTTTTCACAA 1057
Qy 1022 AAATGAAACGTAACGGAATCGTTAGTGTATTTGCGAATCGTAATATGATCTTATATG 1081
Db 1058 GAAATCTCGAGACATTTCTGATCTTATGATATTTTCTTTTATACAGGTAACCAATGG 1117
Qy 1082 CTACGACAGAACTGAAATTTATATATGAGAAAGAAAGAGTCCACCAACAAAGAACTT 1141
Db 1118 CTTTACACATTAATATGATATGCAACATATCTGGGAGGCGTTTCAATGACATATTA 1177

QY 1142 TAATACCATTTGAATCCTATTAAGTTTCATTTGTAAGTATAGACAAGTAACTCCTACTT 1201
 DB 1178 TTTCTCAAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATAGAAACAAACCTATGATAAGTCG 1237
 QY 1202 CCCCTTTCTCAACATATACTTTTCAATTAATCAAAATGAACTTATTTAAATATTCAC 1261
 DB 1238 AAATGTCAGACATAGAGACTCAGATTAATATATGAAATGATATTTTTCGAAATA 1297
 QY 1262 CTATTAATTAATTAACATTTTCAGCTGGGGGAATTTATCTAAATGATTAATAAACAATG 1321
 DB 1298 GCAGTGAAGTATTTGATTCATCCAAATTCACAAATGAAATTAATTAATAAGAACTG 1357
 QY 1322 ATTTCAATTTCTGTAAATAAGCTGTAAACCAATTAATTAATCAAAATGTTTACCA 1381
 DB 1358 ATTTCTATATATTCGAAACAAACATGAAATAAAGATATGATCTATCTATGCT 1417
 QY 1382 GCTATTAATAGTTATAGTCATATTTTATCCAGTTTCTTTATTAATTTCTATATAA 1441
 DB 1418 ATATATAAACTGATATATATATATTTTC----- 1445
 QY 1442 TTGATTTAGCCCTAATATATATATATATAGAGTGCATTAGATGACACACATAGTCTTA 1501
 DB 1446 -----AGTAGTTAGAGAAAGAAAGAGAGTGCATTAGTTGACACATCTAGTGTG 1498
 QY 1502 ATAGAAATTAATGCAATATCAGATTAATAATTAATTAATCAATGCCAGCAATCAAGGTACA 1561
 DB 1499 ATTTCCAAATTAATCAATATAGTTATAGTATACATCAACCAATTCACGCTTTAAAGCTTTGA 1558
 QY 1562 GTCTGTATACAACTCTAAGGTAAATGAAAGACCTGTGATACAGAGAAACTGTGTTT 1621
 DB 1559 AGGTAAAGTTGATTCGAAATTTGGAAGGTCCTGTGACACAGTGTGAACCTTGTGTA 1618
 QY 1622 ATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTAGAGATTACATGTAGAACTCTAATTTCAACATCTT 1681
 DB 1619 TTCTTAAAGATAGTATGATTTTATAGATTATTTTAAATAAGTTTCTGACAAAT--- 1675
 QY 1682 ATTCATTTAGCTTCGATAGCTCAAAATGTCGGAATAATCTCTCAATATATCTC 1741
 DB 1676 ATTCAGTACGATTCGATTCCTATCTAATGCTCCAAAGACAAACAGTA--TTCTTAACCGG 1733
 QY 1742 TTCAATACACAGATATAGAAATCCACCTCAACAGCTCAACAAACATTTTCTGTGTA 1801
 DB 1734 AATGATATATATAGTGTGAGCTCCCTAGTACCACTCCCGCCAAAC-----C 1783
 QY 1802 CAATTTATATTAATTTACATACGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCAAGTACGT-- 1859
 DB 1784 CAATGTCTACAGATTTTACATATGCAAGATTTTGGATATGTAAATTTCCAAAGACAGTTC 1843
 QY 1860 -----ACATTCACCTTTAATGGAACATACCATTTATTTAATGTCAGATGTAT 1912
 DB 1844 CAATTAACAACTTTGAGAGAGAGACACTTTATTTATATACCTTATATGTATACCAATTC 1903
 QY 1913 CAATTCATTTTATATCATTTGATTAATTAATTTGAATTTATACCAATTTACTTCTCTGACGC 1972
 DB 1904 ATTCATATATATATATATATATGACAAATCGAATTTATTCATCTCAATCTGTATATAG 1963
 QY 1973 AAAATTAAGAAAAACAAAATTTAGAACTATCCAAACAAAATTAATATATATTTTACAA 2032
 DB 1964 ATTTATACAGAGACAAATATAGAAAAACACAGAAATATGTAATTTATTTATTTGTTA 2023
 QY 2033 ATCATACAAAATTAATCTTTAATATAGA 2060
 DB 2024 ATTTAAACAAAGTTCTTACTTAATAATAGA 2051

RESULT 13

AA081180 ID AA081180 standard; DNA; 2061 BP.

AC AA081180;

XX 25-MAR-2003 (revised)

DT

DT 12-AUG-1995 (first entry)
 XX
 DE B.t. toxin PS71M3 gene.
 XX
 KW Delta-endotoxin; crystal protein; biological control agent; Calliphoridae;
 KW screw-worm; sheep blowfly; Lucilia; Phormia; Calliphora; insecticide;
 KW pesticide; B.t.; ss.
 OS Bacillus thuringiensis.
 XX
 PN W09502694-A2.
 PD 26-JAN-1995.
 XX
 PP 13-JUL-1994; 94MO-US007902.
 XX
 PR 15-JUL-1993; 93US-00093199.
 XX
 PA (MYCO) MYCOGEN CORP.
 XX
 PI Hickie LA, Payne J;
 XX WPI; 1995-067338/09.
 DR P-PSDB; AAR63079.
 XX
 PT Method for controlling Calliphoridae pests - specifically utilises
 XX Bacillus thuringiensis isolates or toxins.
 XX
 PS Disclosure; Page 42-43; 50pp; English.
 XX
 CC A library was constructed from Bacillus thuringiensis PS71M3 total
 CC cellular DNA in lambda-Gem-11. Plasmid pMYC1636, selected in Escherichia
 CC coli, contained a 15 kb insert expressing a beta-endotoxin gene. This was
 CC sequenced (AA081180). A cured, acrycallyiferous B.t. host carrying
 CC pMYC1636 produced a 77 kDa crystal protein (AAR63079). (Updated on 25-MAR
 CC -2003 to correct PN field.)
 XX
 SQ Sequence 2061 BP; 779 A; 331 C; 319 G; 632 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 7.6%; Score 158; DB 2; Length 2061;

Best Local Similarity 48.3%; Pred. No. 3e-17;

Matches 999; Conservative 0; Mismatches 895; Indels 174; Gaps 13;

QY 2 TGTGTCAAGGAAGAAACCAATATGCTATATTTTCGACATTTGCTAGTCTGATACAA 61
 DB 149 TGTGTCAAGGAAGAAACCAATATGCTATATGCTGAGGAATTTGTATGTTCTGAACTA 208
 QY 62 TTGCTGAGTTAGTGCAGGTACTATTTGATCCGTACTCTGTAGCCGTTAGGTGGGC 121
 DB 209 TTGTTGAGTTAGTGCAGGTATTTATTTGATAGGAACATATGTTAGAGCTTTTCTGCC 268
 QY 122 TCACCTTATATCCGACCGATAGAAATATATAGTCTATATATATATCTTTTGGTACC 181
 DB 269 -----CTGTCTTAGCTGCAGGTATATATCTTTTGGAACTT 304
 QY 182 TAATCATGCTTTTGTGGCCCGCGGGAAGACAAACAAACGATATGACAAATTTATTA 241
 DB 305 TGTGTCCGATCTTTTGGCAAGATCTGACCTG--CAATGTTTGGAGAGATTTGTTAA 361
 QY 242 AAATGGAGAAATTTTGTGATACACCGTTATCAGAAAGCATTAACAGCTTAAGTTAC 301
 DB 362 ACATCGAGAGAGGCGTATACAGAAATATGATTAATAAACHATATATATATCTTAACCT--- 418
 QY 302 AAATTTAGAGATTTTATAGCAAAATATTTCAAGCTATATATACAGATTAGATATGGA 361
 DB 419 ---CTATCGTAAACCTATATAAATAATCAACTGTATATATCAAGAAATTTTTCATTAAT 475
 QY 362 GAAATTTAAAGAACTCAAGCTCCTGATTAACCACTATCAGATTAACAAGCTG 421
 DB 476 GGAAGCAGACGATACACAGCTATATGCTAAGAGAGTA-CATGATCTCTTACACCTTA 534
 QY 422 CTTGACTTTTAAATATGATTTGAAATGTTCAATGATTTTATTCGAGAAATACCTG 481

```

Db      535 GAACCTATATAGTATAAGATTAGATATGTTAAAA----- 571
Qy      482 GTTCCAACTTGAAACTTATTAACCGCTATTACTATTATGCGCAAGCTGTAAT 541
Db      572 -----ATAATGCTAGCTATCGAATACCAACACTCCCTGCATATGCAAAATGCTACT 625
Qy      542 TTCAATTAAATTATTTATGCAAGAGTGTGTAATGGCTGATGATGGAATGCAATATAC 601
Db      626 GGCACTGGAATTTATTAACCATGCTGCTACTATTACAAATATATATGCTGCCAAATCAG 685
Qy      602 ATCCCTCACAAAATTGAACTTAATGCTGGAACATGATGATGATTAATTAACCTTTTAAAG 661
Db      686 GT-----ATTAATCCAGATGCTTTGCAATTCATCTAATTAATCTACGGGCTATTTAAAC 739
Qy      662 AAAATATACCTAAATATATATGATGATGATGCAAAATACCTATATAGAGAGACTAAATAAC 721
Db      740 GTAATAATCAAGATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 799
Qy      722 TTGGAACAGCACTTAATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 781
Db      800 TTGAACCTAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 859
Qy      782 TTACTGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 841
Db      860 TAACGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 911
Qy      842 CAATAGAGAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 901
Db      912 -----TCGAATAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 961
Qy      902 TAAATTTGACCGCTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACTTACT 961
Db      962 -----ATTCAGATACATTTAGAACCATTAACGAACTGAGAA 997
Qy      962 ATTAAACAGCTGAGGGCTAGATTTTCAATTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1021
Db      998 ATGATTAATCTAGAAATCTCAATTTACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1057
Qy      1082 CTACGACAGGAACTGAAATTAATATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1141
Db      1118 CTTTACACATCTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1177
Qy      1142 TAATACATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1201
Db      1178 TTCTCAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAAACCAACCTATGATGATGATGATGATGATGAT 1237
Qy      1202 CCCCCTTTCTTAACATATCTTATCAATTAATCAATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1261
Db      1238 AAATGTCAGACATGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1297
Qy      1262 CTAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1321
Db      1298 GCAGTGAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1357
Qy      1322 ATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGTAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1381
Db      1358 ATTTCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1417
Qy      1382 GCTAATAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1441
Db      1418 ATATTAATAAAGCTGATTAATTAATTTTC----- 1445
Qy      1442 TTGGATTAGCGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1501
Db      1446 -----AGTAGTTAGAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1498
Qy      1502 ATAGAAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1561
Db      1499 ATTTCCAAATACATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1558

```

```

Qy      1562 GTCTTGATACAAATCTTAAGTAATGAAGACCTGCTCATACAGAGGAACTTGCTTT 1621
Db      1559 AGGTAAATGTTCTGATTCGAAATTTGTAAGAGCTGCTGTCACACAGGTGAGACTTGCTTAA 1618
Qy      1622 ATTTACAAAGTCAAGGCGCTTTAGAGATTAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1681
Db      1619 TTCTTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1675
Qy      1682 ATTAACATTAAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1741
Db      1676 ATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1733
Qy      1742 TTACATTAACAGAGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1801
Db      1734 AATAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1783
Qy      1802 CAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1859
Db      1784 CAATGCTCAAGATTTTAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1843
Qy      1860 -----AACATTACCTTTAAATCGAAACATACCATTTATTAATGATGATGATGATGAT 1912
Db      1844 CAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1903
Qy      1913 CAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1972
Db      1904 ATTCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1963
Qy      1973 AAAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2032
Db      1964 ATTAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2023
Qy      2033 ATCATACAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2060
Db      2024 ATTAATAACAAAGTCTTACTTAATAATGAG 2051

```

```

RESULT 14
ID AAN50525
AAN50525 strand; DNA; 3756 BP.
XX
AC AAN50525;
XX
DT 24-OCT-2003 (revised)
DT 25-MAR-2003 (revised)
DT 23-OCT-1991 (first entry)
XX
DE Bacillus thuringiensis var. israelensis endotoxin insert in plasmid
DE psy367.
XX
DE Endotoxin; insecticide; ss.
XX
OS Bacillus thuringiensis serovar israelensis.
XX
PN EP153166-A.
XX
PD 28-AUG-1985.
XX
PF 15-FEB-1985; 85EP-00301017.
XX
PR 22-FEB-1984; 84US-00582506.
PR 22-JAN-1985; 85US-00693556.
XX
PA (SYTR ) SYNPRO CORP.
XX
PI Walfield AM, Pollock TJ;
XX
DR WPI; 1985-211724/35.
XX
PT Polypeptide active against Diptera insects - prepd. from DNA sequence
XX coding for Bti endotoxin using bacterial host.
XX

```

PS Disclosure; Page 15a-e; 27pb; English.

XX The B. thuringiensis var. israelensis endotoxin insect in p8Y367 is
CC expressed in a bacterial host. The protein produced has insecticidal
CC activity against dipteran insects. (Updated on 25-MAR-2003 to correct PA
CC field.) (Updated on 24-OCT-2003 to standardise OS field)
CC
XX

Sequence 3756 BP; 1379 A; 566 C; 659 G; 1150 T; 0 U; 2 Other;

Query Match 7.1%; Score 148.2; DB 1; Length 3756;
Bee Local Similarity 48.3%; Pred. No. 1.3e-15;
Matches 1001; Conservative 0; Mismatches 893; Indels 177; Gaps 14;

Qy 2 TGTGCAAGGGAATACACATATGATGATTAATTTGCAACATTTGCTGCTGATACAA 61
Db TGTGCAAGGGAATACACATATGATGATTAATTTGCAACATTTGCTGCTGATACAA 1148
Qy 62 TTGCTGCAAGTATGTCAGAGTACTATTTGATCCGCTACTCTGTAGCCGCTAGTGGGC 121
Db TTGCTGCAAGTATGTCAGAGTACTATTTGATCCGCTACTCTGTAGCCGCTAGTGGGC 1208
Qy 1149 TTGTTGAGTATAGTCAGAGTATTTATGTAAGAACTATGTTAGACCTTTTGCTGCC 1208
Db TCACCTCTATATCCGAGCCGATAGAAATATAGTGTCTATTAATATCTTTTGTACCC 181
Qy 122 TCACCTCTATATCCGAGCCGATAGAAATATAGTGTCTATTAATATCTTTTGTACCC 181
Db TCACCTCTATATCCGAGCCGATAGAAATATAGTGTCTATTAATATCTTTTGTACCC 1244
Qy 182 TAATCACTGCTTTTGGCCGCGGGAACAAGCAAAACAGTATGACACATTTATTA 241
Db TGTGTCGATCTTTTGGCCGCGGGAACAAGCAAAACAGTATGACACATTTATTA 1301
Qy 1245 TGTGTCGATCTTTTGGCCGCGGGAACAAGCAAAACAGTATGACACATTTATTA 1301
Db TGTGTCGATCTTTTGGCCGCGGGAACAAGCAAAACAGTATGACACATTTATTA 301
Qy 242 AAATGGAAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTAC 301
Db ACATCGGAGGAAGCGCTATACAGAAATATGATTAATTAATGATCTAACTT--- 1358
Qy 1302 ACATCGGAGGAAGCGCTATACAGAAATATGATTAATTAATGATCTAACTT--- 1358
Db AAATGGAAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTAC 361
Qy 302 AAATGGAAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTAC 361
Db AAATGGAAGAAATTTTGTGATACACCGTTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTAC 1415
Qy 1359 ---CTATGCTAACCCCTTAATAAAATCACTGTATTAATATCAAGAAATTTTGTGATTAAT 1415
Db GAAATTTAAAGACTACAGCTCCTGATTAACACCATCATCATGATTAACAGAGCTG 421
Qy 362 GAAATTTAAAGACTACAGCTCCTGATTAACACCATCATCATGATTAACAGAGCTG 421
Db GAGAGCCAGCAGTACACAGCTTAATGCTAAAGCAGTA-CATGATCTCTTATCTACCTTA 1474
Qy 1416 GAGAGCCAGCAGTACACAGCTTAATGCTAAAGCAGTA-CATGATCTCTTATCTACCTTA 1474
Db CTTGACTCTTAATAATACGATTTGAGAAATGTTCAACATGATTTTATCGAAGAAATACCTG 481
Qy 422 CTTGACTCTTAATAATACGATTTGAGAAATGTTCAACATGATTTTATCGAAGAAATACCTG 481
Db GAACCTTAATATGATTAAGATTTAGATTTGTTAAAA----- 1511
Qy 482 GTTTCACACTTGAATCTTAATAAACGCTATTAATCTATTTATGCGAAGCTGCTAAT 541
Db GTTTCACACTTGAATCTTAATAAACGCTATTAATCTATTTATGCGAAGCTGCTAAT 1512
Qy 1512 ---ATNATGCTAGCTATGAAATACCAACATCTCCTGCAATGTCGCAAAATAGCTACT 1565
Db TTCAATTTAATTTTAAACAAGAGTGTGAATGGCTGATGAAGAAATGCAATATAC 601
Qy 542 TTCAATTTAATTTTAAACAAGAGTGTGAATGGCTGATGAAGAAATGCAATATAC 601
Db GGCCTTAATTTTAAACAAGAGTGTGCTACCTATTAACATTAATGCTGCAAAATACAG 1625
Qy 1566 GGCCTTAATTTTAAACAAGAGTGTGCTACCTATTAACATTAATGCTGCAAAATACAG 1625
Db ATTCCTTCACAATTTGAACCTATATGCTGGAACATCATGATCTATTTAAAG 661
Qy 602 ATTCCTTCACAATTTGAACCTATATGCTGGAACATCATGATCTATTTAAAG 661
Db ATTCCTTCACAATTTGAACCTATATGCTGGAACATCATGATCTATTTAAAG 1679
Qy 1676 GT-----ATTAATCCAGTACTTTCATTCATCTAATTAATCTAGAGGCTATTTAAAC 1679
Db AAAATATCTTAATATATGTAATTTGCAAAATACCTATAGAGAGACTTAATAAC 721
Qy 662 AAAATATCTTAATATATGTAATTTGCAAAATACCTATAGAGAGACTTAATAAC 721
Db GTAAATATCTTAATATATGTAATTTGCAAAATACCTATAGAGAGACTTAATAAC 1739
Qy 1680 GTAAATATCTTAATATATGTAATTTGCAAAATACCTATAGAGAGACTTAATAAC 1739
Db TTCAAGAAAGAACTTAATGAGAGTATTTTAAAGATTAAGATTAAGATAAAGATT 841
Qy 722 TTCAAGAAAGAACTTAATGAGAGTATTTTAAAGATTAAGATTAAGATAAAGATT 841
Db TTCAAGAAAGAACTTAATGAGAGTATTTTAAAGATTAAGATTAAGATAAAGATT 1851
Qy 1851 TTCAAGAAAGAACTTAATGAGAGTATTTTAAAGATTAAGATTAAGATAAAGATT 1851
Db TAACGTGTATGATTTTATGCTATTTTCCAAATTAAGACCCAGAAAAAT----- 1851
Qy 842 CAATGGAAGAAATGAGTATTAAGAACTGAACCTTAACAAGAAATTTATCAACTGAA 901
Db CAATGGAAGAAATGAGTATTAAGAACTGAACCTTAACAAGAAATTTATCAAGATTTA 1901
Qy 1852 -----TCCATATAGAGTATTAATCTGAACCTTAACAAGAAATTTATCAAGATTTA 1901

Qy 902 TAAATTTGACCGTCTTACCTTGAAATTCACCAACCAATCTGCTATTAATGAAATTA 961
Db TAAATTTGACCGTCTTACCTTGAAATTCACCAACCAATCTGCTATTAATGAAATTA 1902
Qy 1902 -----ATTCAGATTAATTTAGAACCATTAACAGAACTAGAAA 1937
Qy 962 ATTTAACAAGTTCAGGGCTTATGATTTATTTTATTTTATTTATTTATTTATTTATTTA 1021
Db ATTTAACAAGTTCAGGGCTTATGATTTATTTTATTTTATTTTATTTATTTATTTA 1938
Qy 1938 ATGATTTAATCTAGAAATCTTACATTTATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTA 1997
Db AAATGGAAGAGTATGAGAAATGCTTATGATTTGGAATTCGTAATGATCTATTAATG 1081
Qy 1082 AAATGGAAGAGTATGAGAAATGCTTATGATTTGGAATTCGTAATGATCTATTAATG 1081
Db GAAATTTCTGAGACATCTTGTATCTTATGATTTATTTTCTTTTATGAGTAACAGATGG 2057
Qy 1998 GAAATTTCTGAGACATCTTGTATCTTATGATTTATTTTCTTTTATGAGTAACAGATGG 2057
Db CTACAGACAGAACTGAATTAATATATGAGAAAGAAAGAGCTCCACCAACAAAACTT 1141
Qy 1082 CTACAGACAGAACTGAATTAATATATGAGAAAGAAAGAGCTCCACCAACAAAACTT 1141
Db CCTTACACATCTTAATGATGATGCAACATTAATCTGGGAGCGGCTCATGGAATTTA 2117
Qy 2058 CCTTACACATCTTAATGATGATGCAACATTAATCTGGGAGCGGCTCATGGAATTTA 2117
Db TAAATCAATTTGAAATCTTATTAAGTTTCAATTTGTAATGATGACAAAGTAACTCTTACT 1201
Qy 1142 TAAATCAATTTGAAATCTTATTAAGTTTCAATTTGTAATGATGACAAAGTAACTCTTACT 1201
Db TTTCTCAAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAAACAAACCTATGATTAAGTGG 2177
Qy 2118 TTTCTCAAGACACATCCAAAGTATTTCTTTTATGAAACAAACCTATGATTAAGTGG 2177
Db CCCCTTTCCATCATATATCTTATCAATTAATCAAAATTTGAACCTTATTTAATTAATCAC 1261
Qy 1202 CCCCTTTCCATCATATATCTTATCAATTAATCAAAATTTGAACCTTATTTAATTAATCAC 1261
Db AAATGTCAGACATGAGAGTACTCAGATTAATTAATTAATTAATTTTTCGAATA 2237
Qy 2178 AAATGTCAGACATGAGAGTACTCAGATTAATTAATTAATTAATTTTTCGAATA 2237
Db CTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1321
Qy 1262 CTAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1321
Db GCAATGGAATTTTCTGATTTATTCATTCATTCATTCATTCATTCATTCATTCATTCATTC 2297
Qy 2238 GCAATGGAATTTTCTGATTTATTCATTCATTCATTCATTCATTCATTCATTCATTCATTC 2297
Db ATTTCAATTTTCTGTAATAAAAGAGCTGTAAACCAATTAATTAATTCAAATTTGTTACCA 1381
Qy 1322 ATTTCAATTTTCTGTAATAAAAGAGCTGTAAACCAATTAATTAATTCAAATTTGTTACCA 1381
Db ATTTCTATGATTTCCAAACCAATGAGAAATTAAGAAATGATGATCTATCTATGCT 2357
Qy 2298 ATTTCTATGATTTCCAAACCAATGAGAAATTAAGAAATGATGATCTATCTATGCT 2357
Db GCTATTAATGATTAATGATTAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTA 1441
Qy 1382 GCTATTAATGATTAATGATTAATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTA 1441
Db ATATTAATAAAGCTGATTAATTAATTTTCT----- 2385
Qy 1442 TTGATTAAGCGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1501
Db TTGATTAAGCGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2386
Qy 2386 -----AGTATGTAAGAAAGAAAGAGTGTGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTA 2438
Db ATTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2439
Qy 1502 ATTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1561
Db ATTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2498
Qy 2439 ATTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2498
Db GTCTGATCAAACTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1621
Qy 1562 GTCTGATCAAACTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1621
Db AGTATGTAAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2558
Qy 2499 AGTATGTAAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2558
Db ATTTACAAAGTCAAGGGGCTTGAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1681
Qy 1622 ATTTACAAAGTCAAGGGGCTTGAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1681
Db TTCTTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2615
Qy 2559 TTCTTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2615
Db ATTTACATTAAGCTTGAATGATGCTCAAAATGCTGGAATTAATCTTCTTAATTAATCTC 1741
Qy 1682 ATTTACATTAAGCTTGAATGATGCTCAAAATGCTGGAATTAATCTTCTTAATTAATCTC 1741
Db ATCAAGATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTA 2673
Qy 2616 ATCAAGATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTA 2673
Db TTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1801
Qy 1742 TTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1801
Db AAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2674
Qy 2674 AAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2674
Db CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1852
Qy 1852 CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1852
Db CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2783
Qy 2724 CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2783
Db CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1909
Qy 1860 CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1909
Db CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2784
Qy 2784 CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2784
Db CAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2843
Qy 1910 TATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1969
Db TATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2844
Qy 2844 TATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2903
Db TATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2903
Qy 1970 GCCAAATTAAGAAACCAAAATTTAGAACTATTCACAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2029



Db 181 CTATACCTGCTTTGGCCCGGAGAACAGACAAACAGTATGACAACTTTATT 240
Qy AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAACAGAAAGCATAAACAGCTTAAGTTA 300
Db 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACCGTTAACAGAAAGCATAAACAGCTTAAGTTA 300
Qy 301 CAAACTTTAGAGAGATTTAGCAAAATATTAACAAAGCTATATACAGCATTTAGATTGG 360
Db 301 CAAACTTTAGAGAGATTTAGCAAAATATTAACAAAGCTATATACAGCATTTAGATTGG 360
Qy 361 AGAAATTTAAAGACATACAGCTCCGAGTATACACATCATACAGCATTTACAAAGCT 420
Db 361 AGAAATTTAAAGACATACAGCTCCGAGTATACACATCATACAGCATTTACAAAGCT 420
Qy 421 GCGTTGACTTTAAATACGATTTGAGAAATGTTACATGATTTTATTCGAGAAATACCT 480
Db 421 GCGTTGACTTTAAATACGATTTGAGAAATGTTACATGATTTTATTCGAGAAATACCT 480
Qy 481 GGTTCACACTGGAACCTTATTAACGCTATTTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGTAAT 540
Db 481 GGTTCACACTGGAACCTTATTAACGCTATTTACTACCTATTTATGCGCAAGCTGTAAT 540
Qy 541 TTTTCATTTAAATTTATTAACAACAGTGTGAAATTTGCTGATGTAAGTAAGTACAGATTA 600
Db 541 TTTTCATTTAAATTTATTAACAACAGTGTGAAATTTGCTGATGTAAGTAAGTACAGATTA 600
Qy 601 CATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGAAACATCAGATGCTATTTAACTTTTAA 660
Db 601 CATCTTCACAAATTTGAACCTTAATGCTGAAACATCAGATGCTATTTAACTTTTAA 660
Qy 661 GAAATATTTACTTAATTTAGTAACTATTTGCGAAATCTATAGAGAGAGCTTAATTA 720
Db 661 GAAATATTTACTTAATTTAGTAACTATTTGCGAAATCTATAGAGAGAGCTTAATTA 720
Qy 721 CTTTGAAGACGACTTAATTTAGATGAGATTAATTTATGTAATTTGCAAGATTTATATCT 780
Db 721 CTTTGAAGACGACTTAATTTAGATGAGATTAATTTATGTAATTTGCAAGATTTATATCT 780
Qy 781 ATTAAGTATTTAGTAACTATGCTCAATTTTCTTTTATGATTAAGATTAAGATTAAGAT 840
Db 781 ATTAAGTATTTAGTAACTATGCTCAATTTTCTTTTATGATTAAGATTAAGATTAAGAT 840
Qy 841 TCAATAGAGAGATTTGCTGATTTAAACCTTAACAGAGAAATTTTATCACTGAA 900
Db 841 TCAATAGAGAGATTTGCTGATTTAAACCTTAACAGAGAAATTTTATCACTGAA 900
Qy 901 ATTAATTTTGAACGCTTACTTACTTCTGAAATTTCAACCAATTCGCTATTAATGAAAT 960
Db 901 ATTAATTTTGAACGCTTACTTACTTCTGAAATTTCAACCAATTCGCTATTAATGAAAT 960
Qy 961 AATTTAACAGCTTCAAGGCTTGAATTTTCAATTTTATGATTAAGATTTTATTAACA 1020
Db 961 AATTTAACAGCTTCAAGGCTTGAATTTTCAATTTTATGATTAAGATTTTATTAACA 1020
Qy 1021 AAAAATGAAACGTAACGGAATCGTTTATGTTGTAATTCGAAATCGTAATGATCTACTAT 1080
Db 1021 AAAAATGAAACGTAACGGAATCGTTTATGTTGTAATTCGAAATCGTAATGATCTACTAT 1080
Qy 1081 GCTACGACAGGAATGAAATTAATTAAGAGAAAGAAAGCTCCACCAACAAAGAACT 1140
Db 1081 GCTACGACAGGAATGAAATTAATTAAGAGAAAGAAAGCTCCACCAACAAAGAACT 1140
Qy 1141 TTAATACATTTGATTTCTATTAAGTTTCAATTTTATGATTAAGATTAAGATTTTATTA 1200
Db 1141 TTAATACATTTGATTTCTATTAAGTTTCAATTTTATGATTAAGATTTTATTA 1200
Qy 1201 TCCCTTTTCTTAACATTAATTTTCAATTAATCAAAATGAACTTTTAAATTAATTA 1260
Db 1201 TCCCTTTTCTTAACATTAATTTTCAATTAATCAAAATGAACTTTTAAATTAATTA 1260
Qy 1261 CTTAGTAAATTAATTAATTAATTTGCTGGGGGAAATTTATCTTAATTAATTAATTA 1320
Db 1261 CTTAGTAAATTAATTAATTAATTTGCTGGGGGAAATTTATCTTAATTAATTAATTA 1320

Qy 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAAGAAAGACCTGTAACCAATTTATTAATCAATTTGTTACCA 1380
Db 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAAGAAAGACCTGTAACCAATTTATTAATCAATTTGTTACCA 1380
Qy 1381 AGCTATTAATGTTATTAATGATTAATTTTATCCAGTTTCTTTTATTAATTTATTTAA 1440
Db 1381 AGCTATTAATGTTATTAATGATTAATTTTATCCAGTTTCTTTTATTAATTTATTTAA 1440
Qy 1441 ATTTGATTTGCGTAAATTAATTAATTAATGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTG 1500
Db 1441 ATTTGATTTGCGTAAATTAATTAATTAATGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTG 1500
Qy 1501 AATAGAAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1560
Db 1501 AATAGAAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1560
Qy 1561 AGCTTTGATTAATTAATGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTGAT 1620
Db 1561 AGCTTTGATTAATTAATGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTGATTAATTTGAT 1620
Qy 1621 TATTTACAAAGTCAAGGCGTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1680
Db 1621 TATTTACAAAGTCAAGGCGTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1680
Qy 1681 TATTTACATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1740
Db 1681 TATTTACATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1740
Qy 1741 CTTTCAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1800
Db 1741 CTTTCAATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1800
Qy 1801 ACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860
Db 1801 ACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860
Qy 1861 ACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1920
Db 1861 ACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1920
Qy 1921 ATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980
Db 1921 ATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980
Qy 1981 GAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040
Db 1981 GAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040
Qy 2041 AAAAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085
Db 2041 AAAAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085

RESULT 2
US-10-782-570-1
; Sequence 1, Application US/10782570
; Publication No. US20040210965A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Carozzi, Nadine
; APPLICANT: Harjies, Tracy
; APPLICANT: Koziel, Michael G.
; APPLICANT: Duck, Nicholas B.
; APPLICANT: Carr, Brian
; TITLE OF INVENTION: AXMT-007, A Delta-Endotoxin Gene and
; TITLE OF INVENTION: Methods for Its Use
; FILE REFERENCE: 045600/274144
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/782,570
; CURRENT FILING DATE: 2004-02-19
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,812
; PRIOR FILING DATE: 2003-02-20
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 17
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0

SEQ ID NO 1
 LENGTH: 2235
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Bacillus thuringiensis
 FEATURE:
 NAME/KEY: CDS
 LOCATION: (1)...(2235)
 US-10-782-570-1

Query Match 100.0%; Score 2085; DB 8; Length 2235;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
 Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

1 ATGTGCAAGGAAATACACATATGATGATATTTGAGACATTTGCTAGTGGATGCA 60
 151 ATGTGCAAGGAAATACACATATGATGATATTTGAGACATTTGCTAGTGGATGCA 210
 61 ATGTGCAAGTGTGAGTACTATTTGATCCGCTGCTGTTAGCCGCTATAGTGG 120
 211 ATGTGCAAGTGTGAGTACTATTTGATCCGCTGCTGTTAGCCGCTATAGTGG 270
 121 CTCACCTCTATATCCGACCGATAGAAATATAGTGTCTATATATATCTTTGGTACC 180
 271 CTCACCTCTATATCCGACCGATAGAAATATAGTGTCTATATATATCTTTGGTACC 330
 181 CTATACCTGTCTTTGGCCGCGGAGAACAGACAGATAGTGAACAATTTAT 240
 331 CTATACCTGTCTTTGGCCGCGGAGAACAGACAGATAGTGAACAATTTAT 390
 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTACAGAAACATATAACAGCTAAAGTTA 300
 391 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTACAGAAACATATAACAGCTAAAGTTA 450
 301 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTACAGAAACATATAACAGCTAAAGTTA 360
 451 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTACAGAAACATATAACAGCTAAAGTTA 510
 361 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTACAGAAACATATAACAGCTAAAGTTA 420
 511 AAAATGGAGAAATTTTGTGTGATACACCGTTACAGAAACATATAACAGCTAAAGTTA 570
 421 GCTTGAATCTTTAAATAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAAATTAACCT 480
 571 GCTTGAATCTTTAAATAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAAATTAACCT 630
 481 GCTTGAATCTTTAAATAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAAATTAACCT 540
 631 GCTTGAATCTTTAAATAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAAATTAACCT 690
 541 TTTGATTTAAATTTTAAATAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAAATTAACCT 600
 691 TTTGATTTAAATTTTAAATAGATTTGAGATGTTCAATGATTTTATTCGAAATTAACCT 750
 601 CATCTTCAAAATTTGAACCTTATGCTGAAACATGATGATCTATTTATTAACCTTTAAA 660
 751 CATCTTCAAAATTTGAACCTTATGCTGAAACATGATGATCTATTTATTAACCTTTAAA 810
 661 GAAATATATACCTAAATATATAGTAACTATTTGCAAAATCTATATAGAAAGGACTAAATATA 720
 811 GAAATATATACCTAAATATATAGTAACTATTTGCAAAATCTATATAGAAAGGACTAAATATA 870
 721 CTTCGAAACGAAACCTAAATATAGTAACTATTTGCAAAATCTATATAGAAAGGACTAAATATA 780
 871 CTTCGAAACGAAACCTAAATATAGTAACTATTTGCAAAATCTATATAGAAAGGACTAAATATA 930
 781 ATTTACTGATATGATATGATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATAGAAAGGACTAAATATA 840
 931 ATTTACTGATATGATATGATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATAGAAAGGACTAAATATA 990
 841 TCAATAGGAAGATAGTGGCTTTAAATCTGAACTTACAGAAATTTTATCAACTGAA 900
 991 TCAATAGGAAGATAGTGGCTTTAAATCTGAACTTACAGAAATTTTATCAACTGAA 1050

901 ATAAATTTTGAACCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCAATCTCGCTATATAGTAATAT 960
 1051 ATAAATTTTGAACCTCTTACTTACCTTGAAATTCACCAATCTCGCTATATAGTAATAT 1110
 961 AATTTAAACAGGCTCAGGCTTAGATTTATTTTCAATTTTATGATGACTTATATTTTATCA 1020
 1111 AATTTAAACAGGCTCAGGCTTAGATTTATTTTCAATTTTATGATGACTTATATTTTATCA 1170
 1021 AAAATGAAACGTAACGGAATCGTTTGTGTGTATGTAATGTAATGATGATGATGATGAT 1080
 1171 AAAATGAAACGTAACGGAATCGTTTGTGTGTATGTAATGTAATGATGATGATGATGAT 1230
 1081 GCTACGACAGGAATCTGAAATTTATATATGAGAAAGAACAGGTCCACCAACCAAAACT 1140
 1231 GCTACGACAGGAATCTGAAATTTATATATGAGAAAGAACAGGTCCACCAACCAAAACT 1290
 1141 TTAATACATTTGAAATCTTAAAGTTTCAATTTGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 1200
 1291 TTAATACATTTGAAATCTTAAAGTTTCAATTTGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 1350
 1201 TCCCTTTTCTTAAATATATCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1260
 1351 TCCCTTTTCTTAAATATATCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1410
 1261 CCTAGTAAATTTTAAATATATCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1320
 1411 CCTAGTAAATTTTAAATATATCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1470
 1321 GATTTTCAATTTCTGTGTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1380
 1471 GATTTTCAATTTCTGTGTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1530
 1381 AGCTATATATGATATATGATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1440
 1531 AGCTATATATGATATATGATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1590
 1441 ATTTGATTTAGGCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1500
 1591 ATTTGATTTAGGCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1650
 1501 AATGAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1560
 1651 AATGAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1710
 1561 AGCTTGTATTAATCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1620
 1711 AGCTTGTATTAATCTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1770
 1621 TATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1680
 1771 TATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1830
 1681 TATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1740
 1831 TATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1890
 1741 CTTCATATCAAGAGATATGATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1800
 1891 CTTCATATCAAGAGATATGATATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1950
 1801 ACAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1860
 1951 ACAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2010
 1861 ACATTTCTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1920
 2011 ACATTTCTTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2070
 1921 ATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 1980
 2071 ATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 2130
 1981 GAAATGAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2040

Db 2131 GAAAAAATAAGAACTATCCAAACAAATAATCAATTTTTCACAAATCAATCA 2190
Qy 2041 AAAAATCTTTAAATATAGAACCAAACTATGATTTGATTA 2085
Db 2191 AAAAATCTTTAAATATAGAACCAAACTATGATTTGATTA 2235
RESULT 3
US-10-783-417-1
; Sequence 1, Application US/10783417
; Publication No. US20040216186A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Carozzi, Nadine
; APPLICANT: Hargies, Tracy
; APPLICANT: Koziel, Michael G.
; APPLICANT: Duck, Nicholas B.
; APPLICANT: Carr, Brian
; TITLE OF INVENTION: AXMT-006, A Delta-Endotoxin Gene and
; TITLE OF INVENTION: Methods for Its Use
; FILE REFERENCE: 045600/274146
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/783,417
; CURRENT FILING DATE: 2004-02-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/448,806
; PRIOR FILING DATE: 2003-02-20
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 15
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 2208
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1)...(2208)
US-10-783-417-1
Query Match 86.1%; Score 1794.4; DB 8; Length 2208;
Best Local Similarity 92.7%; Pred. No. 0;
Matches 1908; Conservative 0; Mismatches 141; Indels 9; Gaps 2;
Qy 1 ATGTGTCAGGGAATACATATATGATTAATTTGAGACATTTGCTAGTGCATGACA 60
Db 154 ATGTGTAAAGGAATACATATATGATTAATTTGAGACATTTGCTAGTGCATGACA 213
Qy 61 ATGTGTCAGGGAATACATATATGATTAATTTGAGACATTTGCTAGTGCATGACA 120
Db 214 ATGTGTCAGGGAATACATATATGATTAATTTGAGACATTTGCTAGTGCATGACA 273
Qy 121 CTCACTTCTATATCCGACCGATGGAATATAGTGTCTATATATATCTTTTGGTACC 180
Db 274 CTCACTTCTATATCCGACCGATGGAATATAGTGTCTATATATATCTTTTGGTACC 333
Qy 181 CTATACCTGCTTTTGGCCGCGGGAAGAACAAAGACAGATGAGACAAATTAAT 240
Db 334 CTATACCTGCTTTTGGCCGCGGGAAGAACAAAGACAGATGAGACAAATTAAT 393
Qy 241 AAAATGGAAGAAATTTTGTGTATACACCGTTTACAGAAAGCATATAACAGCTAAAGTTA 300
Db 394 AAAATGGAAGAAATTTTGTGTATACACCGTTTACAGAAAGCATATAACAGCTAAAGTTA 453
Qy 301 CAAACTTTAAGAGATTTAGACAAATTTTACAAAGCTATATATACAGCATTTAGATTTGG 360
Db 454 CAAACTTTAAGAGATTTAGACAAATTTTACAAAGCTATATATACAGCATTTAGATTTGG 513
Qy 361 AGAAATTTAAGAGATTTAGACAAAGCTATATATACAGCATTTAGATTTAGCAAGCT 420
Db 514 AGAAATTTAAGAGATTTAGACAAAGCTATATATACAGCATTTAGATTTAGCAAGCT 573
Qy 421 GCCTTGACTTTAAATATAGATTTAGATTTTCAATGATTTTATTTGAGAAATACCT 480
Db 574 GCCTTGACTTTAAATATAGATTTAGATTTTCAATGATTTTATTTGAGAAATACCT 633
Qy 481 GGTTCACACTTGAATCTTATATAAGCTATTTACTTACTTATTTATGCGCAAGCTGTAAT 540

Db 634 GGTTCACACTTGAATCTTATATAAGCTATTTACTTACTTATTTATGCGCAAGCTGTAAT 693
Qy 541 TTTCAATTTAAATTTATTAACAAGAGTGTGAATTTGGCTGATGAATGAATGAGATTA 600
Db 694 TTTCAATTTAAATTTATTAACAAGAGTGTGAATTTGGCTGATGAATGAATGAGATTA 753
Qy 601 CATCTTCACAAAATTTGACCTAATGCTGGAACATGATGATGATTAATTAACCTTTTAA 660
Db 754 CATCTTCACAAAATTTGACCTAATGCTGGAACATGATGATGATTAATTAACCTTTTAA 813
Qy 661 GAAATATATCTTAATATATGTAATCTTATTTGCAATATCTTATGAGAGAGCTAAATTA 720
Db 814 GAAATATATCTTAATATATGTAATCTTATTTGCAATATCTTATGAGAGAGCTAAATTA 873
Qy 721 CTTGAAAGCAACCTAATATGAGATGAGATTTAATGATTAATGAGATTAATGAGAT 780
Db 874 CTTGAGAGCAACCAATTTGAAATGAGATTTAATGATTAATGAGATTAATGAGAT 933
Qy 781 ATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 840
Db 934 ATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 993
Qy 841 TCAATGGAAGATTAAG-----GTGCAATTAATGAACTTATGAGAGAAATTTTACA 894
Db 994 TCAATGGAAGATTAAGAAAGGCAATTAAGAAAGGCAATTAAGAAAGGCAATTTTACA 1053
Qy 895 ACTGAATTAATTTTACCGCTTATCTTACCTTGAATTAATGAAAGGCAATGCTGATTAAT 954
Db 1054 ACTGAATTAATTTTACCGCTTATCTTACCTTGAATTAATGAAAGGCAATGCTGATTAAT 1113
Qy 955 GAATATATTTAACAAGCTTCAAGGCTTGAATTAATTTTCAATTTTATGATTAATTTAT 1014
Db 1114 GAATATATTTAACAAGCTTCAAGGCTTGAATTAATTTTCAATTTTATGATTAATTTAT 1173
Qy 1015 TATACAAAAATGAAACGTAACGGAATCGTTTATGTTGATTTGCGAATGTAATGATCT 1074
Db 1174 TATACAAAAATGAAACGTAATTCGGAATCGTTTATGTTGATTTGCGAATGTAATGATCT 1233
Qy 1075 ACTTATGCTACGACAGAACTGAAATTTATATATGAGAAAGAACAGTCCACCAACA 1134
Db 1234 ACTTATGCTACGACGTAATTTATGAACTTATATATGAGAAAGAACAGTCCACCAACA 1293
Qy 1135 AAAACTTTAATACATTTGATTAATCTTAAAGTTCAATTTGATTAATGATTAATGATTA 1194
Db 1294 AAAACTTTAATACATTTGATTAATCTTAAAGTTCAATTTGATTAATGATTAATGATTA 1353
Qy 1195 CTTACTTCCCTTTTCTTAAATATATCTTTAATTAATGAACTTTATTTTAAAT 1254
Db 1354 CTTACTTCCCTTTTCTTAAATATATCTTTAATTAATGAACTTTATTTTAAAT 1410
Qy 1255 AATTGACCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1314
Db 1411 GGTCTATCTTACACACATCTCAATATTAAGAGAGGCTTTTATCTTATTTTCAAAAC 1470
Qy 1315 ACAATGATTTTCAATTTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1374
Db 1471 ACAATGATTTTCAATTTCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1530
Qy 1375 TTAACAAGCTATATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1434
Db 1531 TTAACAAGCTATATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1590
Qy 1435 TATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1494
Db 1591 TATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1650
Qy 1495 AGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1554
Db 1651 AGTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1710
Qy 1555 GGTACAGCTTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1614

```

Db 1711 GGTAAACATCTTGATACAACTAGAGTAATGAGAGCCTGGTATACAGAGAAAC 1770
Qy 1615 TTGGTTATTTTACAAAGCAAGGCGTTTAAAGATTAATGAGAACTCCCTTAATTCACA 1674
Db 1771 TTGGTTATTTTACAAAGCAAGGCGTTTAAAGATTAATGAGAACTCCCTTAATTCACA 1830
Qy 1675 CAATCTTATTCATTAAGCTTGAATGAGTAACTGAGAAATCTCTTCTAT 1734
Db 1631 CAATCTTATTCATTAAGCTTGAATGAGTAACTGAGAAATCTCTTCTAT 1890
Qy 1735 ATATCTCTTACATACAGAGTAATGAGAAATACCACTCAACGATCAACAACCTTTT 1794
Db 1891 ATATCTCTTACATACAGAGTAATGAGAAATACCACTCAACGATCAACAACCTTTT 1950
Qy 1795 TCTGTGCAAAATTTTAAATTTTCAATACGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAGT 1854
Db 1951 TCTGTGCAAAATTTTAAATTTTCAATACGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAAGT 2010
Qy 1855 ACAGTAACTTACCTTAAATCGAAACATACCACTTATTTAAATCGTCAAGATGTATCA 1914
Db 2011 ACAGTAACTTACCTTAAATCGAAACATACCACTTATTTAAATCGTCAAGATGTATCA 2070
Qy 1915 AATTCATTTTATCATTTGATTAATTTGAATTTATACCAATTAATCTCTGTACGCCAA 1974
Db 2071 AATTCATTTTATCATTTGATTAATTTGAATTTATACCAATTAATCTCTGTACGCCAA 2130
Qy 1975 AATGAGAAAAACAAAATTTGAAATCTATCCAAAGAAAATTAATACATTTTTCACAAAT 2034
Db 2131 AATGAGAAAAACAAAATTTGAAATCTATCCAAAGAAAATTAATACATTTTTCACAAAT 2190
Qy 2035 CATACAAAAAATACCTTTA 2052
Db 2191 CATACAAAAAATACCTTTGA 2208

```

RESULT 4

US-09-756-526A-3
Sequence 3, Application US/09756526A
Patent No. US20020038005A1

GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Jana, Wojciechowska
APPLICANT: Evgeny, Lewitin
APPLICANT: Ludmila, Revina
APPLICANT: Igor, Zalunin

APPLICANT: Galina, Chesnokina
TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
FILE REFERENCE: S-30913A
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/756,526A
PRIORITY FILING DATE: 2001-01-08
PRIORITY FILING DATE: 2000-01-07
NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
SOFTWARE: PatentIn version 3.0

SEQ ID NO 3
LENGTH: 4896
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis

FEATURE:
NAME/KEY: source
LOCATION: (1)..(4896)
OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis subsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon)

OTHER INFORMATION: 29337
NAME/KEY: CDS
LOCATION: (1129)..(4458)
OTHER INFORMATION: product: Cry28a1 delta-endotoxin
PUBLICATION INFORMATION:
AUTHORS: Wojciechowska, et al.
TITLE: thuringiensis esp. finitimus
JOURNAL: FEBS Lett.
VOLUME: 453
ISSUE: 12
PAGES: 46-48

DATE: 1999-06-18
DATABASE ENTRY DATE: -- -- --
US-09-756-526A-3

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 3; Length 4896;
Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 3.36-19;
Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

Qy 153 AGGTGCTATATATATATCTTTTGGTACCCCTTAATCATCTGTCTTTGGCCCGGAGAGACA 212
Db 1293 AGGTGCTATATATATATCTTTTGGTACCCCTTAATCATCTGTCTTTGGCCCGGAGAGACA 1352
Qy 213 AGA---CAAAACAGTATGAGACACATTTTAAATGAGAAATTTTGTGATACACC 269
Db 1353 AGATCCAAAAAATTTTGGTCAATTTTAAATGAGAAACAGGAGAAACCTTTTAATCAAC 1412
Qy 270 GTTAAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTTAAAGATTTTAAAGATTTTAAAGATTTT 329
Db 1413 AATTTCTACAGCTTAATAAGAAATAGCATTAAGCTCATCTAAATGTTTAAAGATTTT 1472
Qy 330 ACAAGCTATATATACAGCTTTAGATTTGAGAAATTTAAAGATCAACAGCTCTCG 389
Db 1473 AACGTATATGAAAGAGCATTTTATGATTTGAGAAAGAAATCCAAATGCAATCTGCG 1532
Qy 390 ATTACCAACATCATCAGATTTACAAAGAGCTGCTGACTTTAAATACGATTTAGAA 449
Db 1533 ATTGCTATCACAG-----GATTTGAAA 1556
Qy 450 TGTTCACAAATGATTTTATTCAGAAATACCTGTTTCAACTTGAACTTTAAACGCT 509
Db 1557 CGTCATTTGCAATTTTGAAGCAATATGCGCAACCTCAACTTCCAGATATGACATTT 1616
Qy 510 ATTACTACTATTTATGCGCAGCTGTAATTTTCAATTTTAAATTTTATTAACAAGTGC 569
Db 1617 ATTATTAAGTTCTATACAGAGCTGCAAAATTTTCAATTTTAAATTTTATTAACAAGTGC 1676
Qy 570 TGAATGCTGATGAATGGAATGAGATATATCATCTTCAAAATGAACTAATGCTGG 629
Db 1677 ACAATGCGGATCAATGGAATGAGATATCAACCAATTCACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy 630 AACATGATGATCTATTAATACTTTTAAAGAAATATACCTTAATTAATTAATTAATTAAT 689
Db 1728 GTATCAGATGATCTATTAATATGAGAGATATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1787
Qy 690 TGCATAATCTATATGAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 749
Db 1788 CACCAAGCATACCATTAAGATTTGAATCACTTAAGAAATCAAGAAATCAACATGGA 1847
Qy 750 TATATTTAATGATTAATGAGATATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 809
Db 1848 TGTATTAATGATTAATGAGATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1907
Qy 810 TTCTTTTATGATATA 825
Db 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

```

RESULT 5

US-10-345-020-3
Sequence 3, Application US/10345020
Publication No. US20030150018A1

GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Jana, Wojciechowska
APPLICANT: Evgeny, Lewitin
APPLICANT: Ludmila, Revina
APPLICANT: Igor, Zalunin

APPLICANT: Galina, Chesnokina
TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
FILE REFERENCE: S-30913B
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/345,020
PRIORITY FILING DATE: 2003-01-15
PRIORITY FILING DATE: 2000-01-07

PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/175,158
PRIORITY FILING DATE: 2000-01-07

```

; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
; SOFTWARE: Patentin version 3.0
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 4896
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: source
; LOCATION: (1)..(4896)
; OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon)
; OTHER INFORMATION: 29337
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1129)..(4458)
; OTHER INFORMATION: product: Cry28a1 delta-endotoxin
; PUBLICATION INFORMATION:
; AUTHORS: Wojciechowska, et al.
; TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus
; TITLE: thuringiensis spp. finitimus
; JOURNAL: FEBS Lett.
; VOLUME: 453
; ISSUE: 12
; PAGES: 46-48
; DATE: 1999-06-18
; US-10-345-020-3

```

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 3.3e-19; Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

QY 153 AGGTCCTAATAATATCTTTGGTACCCCTATCATCTCTTTGGCCCGGGAGACA 212
DB 1293 AGGTGCTACTTATATCATTTGAACTGGCTCCGCTCTTGGCTGATCCAGAGA 1352
QY 213 AGA---CAAAACAGTATGACACATTTTAAATGGAGAAATTTTGTGATACACC 269
DB 1353 AGATCCAAAAAATTTGGTCAATTTATGAAAACAGGAGAACCTTTAAATCAAC 1412
QY 270 GTTAAAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTAGACAAATATT 329
DB 1413 AATTTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATTTAGCTCATCTAAATGTTTAAAGATATT 1472
QY 330 ACAAGCTATATATCAGCATTTAGTATGAGAAATTTAAAAAGACTACAGCTCTCG 389
DB 1473 AAGCTATATGAAGACATTTATGATGGAAGAAATCCAAATATATCTGCAG 1532
QY 390 ATTACCAATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAATCTTAAATAGATTGAGAA 449
DB 1533 ATTGCTATCACAGA-----GATTTGAAA 1556
QY 450 TGTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACTTAAACGCT 509
DB 1557 CGCTCAATTCATTTTGAAGCATATGCGCAACCTCAACTTCCACGATGACATTT 1616
QY 510 ATTACTACGATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAATTTATTAACAAGTGC 569
DB 1617 ATTATTAAGTTGCTATACAGAACTGCAAAATTTACATTTGAATTTATTAATCAAGTGT 1676
QY 570 TGAATTTGGCTGATGATGAGATGAGATATACCTCTTCAAAATTTGAACCTAATGCTGG 629
DB 1677 ACAATTTGGCGATCAATGAGATGAGATGAGATCACTTACCACTT-----GTTGAA 1727
QY 630 AACATCAGATGATCTATTAATACTTTTAAAGAAATATACCTAATATATGATTAATTTG 689
DB 1728 GTATCATCGGATCTATTATATGAGAGCTATGTTATATTTGAAAGATATATTAATTTG 1787
QY 690 TGCAAAATCTATATGAGAGAGCTAATTAACCTTGAAAGCAACCTTAATATGATGAGAG 749
DB 1788 CACCAAGACATACCATTAAGAGATTAATCACTTAAAGAAATCAAAAAATCAATAGGGA 1847
QY 750 TATATTAATGATTAATGAGAGATATATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTA 809
DB 1848 TGCTTATTAACATATGATGAGAGAAATGACCTTAAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTA 1907

```

```

QY 810 TTCTTTTATGATATA 825
DB 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

```

RESULT 6

```

US-10-342-821-3
; Sequence 3, Application US/10342821
; Publication No. US20030154510A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Jana, Wojciechowska
; APPLICANT: Evgeny, Lewitin
; APPLICANT: Ludmila, Revina
; APPLICANT: Igor, Zalumin
; APPLICANT: Galina, Chestubina
; TITLE OF INVENTION: NOVEL DELTA-ENDOTOXINS AND NUCLEIC ACID SEQUENCES CODING THEREFOR
; PIR REFERENCE: S-30913C
; CURRENT FILING DATE: 2003-01-15
; PRIORITY FILING DATE: 2000-01-07
; PRIORITY FILING DATE: 2000-01-07
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
; SOFTWARE: Patentin version 3.0
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 4896
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Bacillus thuringiensis
; FEATURE:
; NAME/KEY: source
; LOCATION: (1)..(4896)
; OTHER INFORMATION: Bacillus thuringiensis supsp. finitimus strain VKPM B-1161 (taxon)
; OTHER INFORMATION: 29337
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (1129)..(4458)
; OTHER INFORMATION: product: Cry28a1 delta-endotoxin
; PUBLICATION INFORMATION:
; AUTHORS: Wojciechowska, et al.
; TITLE: Two novel delta-endotoxin gene families cry26 and cry28 from Bacillus
; TITLE: thuringiensis spp. finitimus
; JOURNAL: FEBS Lett.
; VOLUME: 453
; ISSUE: 12
; PAGES: 46-48
; DATE: 1999-06-18
; US-10-342-821-3

```

Query Match 7.7%; Score 161.2; DB 6; Length 4896;

Best Local Similarity 57.0%; Pred. No. 3.3e-19; Matches 385; Conservative 0; Mismatches 243; Indels 48; Gaps 3;

```

QY 153 AGGTCCTAATAATATCTTTGGTACCCCTAATCATCTCTTTGGCCCGGGAGACA 212
DB 1293 AGGTGCTACTTATATCATTTGAACTGGCTCCGCTCTTGGCTGATCCAGAGA 1352
QY 213 AGA---CAAAACAGTATGACACATTTTAAATGGAGAAATTTTGTGATACACC 269
DB 1353 AGATCCAAAAAATTTGGTCAATTTATGAAAACAGGAGAACCTTTAAATCAAC 1412
QY 270 GTTAAAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTAGACAAATATT 329
DB 1413 AATTTCTACAGCTGTAAAGAAATAGCATTTAGCTCATCTAAATGTTTAAAGATATT 1472
QY 330 ACAAGCTATATATCAGCATTTAGTATGAGAAATTTAAAAAGACTACAGCTCTCG 389
DB 1473 AAGCTATATGAAGACATTTATGATGGAAGAAATCCAAATATATCTGCAG 1532
QY 390 ATTACCAATCATCAGCATTAACAACAGCTGCTTGAATCTTAAATAGATTGAGAA 449
DB 1533 ATTGCTATCACAGA-----GATTTGAAA 1556
QY 450 TGTTCACATGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGAACTTAAACGCT 509

```


Db 1557 CGCTCAATTCATTTGTAAGCAATATGCCCAACCTCCACGATGACATT 1616
Qy 510 ATTAATACCTATTATGCGCAAGCTGCTAATTTCAATTTAATTTATACCAAGTGC 569
Db 1617 ATTAATAGTGTGCTATACAGAGCTGCAAAATTTACATTTGAATTTATACATCAAGGTG 1676
Qy 570 TGAATGCTGATGAATGAATGAGATATACATCTTCACAAAATGAACTAATGCTGG 629
Db 1677 ACAATTCGGGATCAATGAAATGCGAATCAACCATTCACCAAT-----GTTGAA 1727
Qy 630 AACATGAGATGATCTATTATAAATCTTTAAAGAAATATACCTAATATAGTAACTATTG 689
Db 1728 GTATCATGATCTATTATATGACGAGCTATGCTATATTTGAAAGTATATTTATTTG 1787
Qy 690 TGCATAATCTATTAGAGAGACCTAAATTAATCTTGAAAGCACTTAATGAGATGAG 749
Db 1788 CACCAAGACATACATTAAGAGATTGAATCACCTTAAGAAATCAGAAAAATCACATGGGA 1847
Qy 750 TATATTAATGATATGAGAAATATATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATG 809
Db 1848 TGCTTAATACATATATGCTGAGAAATGACCTTAATGATGATGATCTTGCGAATTT 1907
Qy 810 TTCTTTTATGATATA 825
Db 1908 TCCTTTTATGATATA 1923

RESULT 7
US-10-311-455-2128/c
; Sequence 2128, Application US/10311455
; Publication No. US2003014360641
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with the Immune System by Detect
; TITLE OF INVENTION: cytosine methylation
; FILE REFERENCE: 5013.1014
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/311.455
; PRIOR FILING DATE: 2002-12-16
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/07537
; PRIOR FILING DATE: 2001-07-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2424
; SEQ ID NO 2128
; LENGTH: 15548
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-311-455-2128

Query Match 5.6%; Score 117; DB 6; Length 15548;
Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 6.2e-11;
Matches 819; Conservative 0; Mismatches 1040; Indels 18; Gaps 6;

Qy 218 AAACAGTATGAGCAATTTATTTAAATGGGAAATTTTGTGATCAGCGTTAAG 277
Db 13398 ATAAATATATACGATTAATTAATATATGATTAATTAATATATATTAATTAATACAGT 13339
Qy 278 AAACATATTAACAGCTAAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGCAAAATATTACAAAGCT 337
Db 13338 CTAATAATATATATATATTAATTAATTTACGTAATTAATATATCTAAATATATATATAT 13279
Qy 338 ATATATACGCTTATGATTTGAGAAATTTAAAGCTACAGCTCTGATTTACAC 397
Db 13278 AAAATATATATATCTAAATATATATATATATATATATCTAAATATATATATATATATAT 13219
Qy 398 CATATCAGATTAACAACAGCTGCTGATCTTAATTAATGATTTGAGATGTTTCA 457

Db 13218 TATATCTAAATATATATATATATATATATATATATCTAAATATATATATATATATATATAT 13159
Qy 458 ATGATTTTATTCGAGAAATATCTGTTTCCACTTGAAACTTATTAAGCTATTTACAC 517
Db 13158 TAAAT 13099
Qy 518 CTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCAATTTAATTTAATTAACAAGTCTGAAATGG 577
Db 13098 AT 13042
Qy 578 CTGATGAAATGAAATGAGAT 637
Db 13041 TACAT 12983
Qy 638 ATGATCTTTTAACTTTTAAAGAAATATATCTTAATATATGATTAATTTGCAATA 697
Db 12982 ATATTAAT 12923
Qy 698 CTTATGAGAAAGCTAAATTAATCTTGAAAGCACTTAATATGAGATGATATTTTA 757
Db 12922 TATATATACGAAT 12863
Qy 758 ATGATTTGAGAAAT 817
Db 12862 TAT 12803
Qy 818 ATGATATTAAGATATACAAAGATTAATGAGAGATATGCTGATTTAACTGACCTTA 877
Db 12802 ACGAAAT 12743
Qy 878 CAAGAGAAATTTATACAGAAATTAATTTGCGCTTACTTACTTCTGAAATTCGAC 937
Db 12742 TAT 12684
Qy 938 CCAATCTGCTAATATGAAAT 997
Db 12683 AAAAT 12624
Qy 998 TAGATGACT-TATATTTTATACAAAAATGAAAGTACGGAAATCGTTAGTGTAT 1056
Db 12623 TAT 12564
Qy 1057 GCGAATGCTAAT 1116
Db 12563 TAAAT 12504
Qy 1117 ACAGGTCACCCACCAACAAAACTTTA-----ATACATTTGAACTCTATTAAGTT 1167
Db 12503 AT 12444
Qy 1168 TCAATGTAACTGATTAACAGATTAATCTTATCCCTTTTCTTAACATATATCTTACA 1227
Db 12443 AT 12384
Qy 1228 ATTAATGAATGAACTTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1287
Db 12383 ATATTAACAT 12324
Qy 1288 GGGGGAAATTTATCTAATGATTAATAAACAACGATTTTCAATTTCTGTAATAAAGAGC 1347
Db 12323 AACAT 12264
Qy 1348 TGTAAACCAATTTAATTCCAATTTGTTTACCAAGCTAATATATATATATATATATATAT 1407
Db 12263 TAT 12204
Qy 1408 TCCAGTTTCTTATTTAA---TTATTCATTAATTTGAGTTAGGCTTAATATATTA 1464
Db 12203 TATATTAACAT 12144
Qy 1465 TATACAGGTGATTAAGATGAGACAGATAGTGTATATATATATATATATATATATATAT 1524

[illegible]

RESULT 8
 US-10-929-754-2
 : Sequence 2, Application US/10929754
 : Publication No. US20050124803A1
 : GENERAL INFORMATION:
 : APPLICANT: ABDULLAH, MOHD AMIR
 : APPLICANT: DEAN, DONALD H.
 : TITLE OF INVENTION: INSTRUCTIOAL CRYSTAL PROTEINS WITH ENHANCED TOXICITY
 : FILE REFERENCE: 22727/04179
 : CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/929,754
 : CURRENT FILING DATE: 2004-08-30
 : PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/498,826
 : PRIOR FILING DATE: 2003-08-29
 : NUMBER OF SEQ. ID NOS: 43
 : SOFTWARE: patentln Ver. 3.2
 : SEQ. ID NO 2
 : LENGTH: 3684
 : TYPE: DNA
 : ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*
 : US-10-929-754-2

Query Match	4.8%;	Score 100.6;	DB 9;	Length 3684;
Best Local Similarity	48.6%;	Pred. No. 3.5e-08;		
Matches 705; Conservative	0;	Mismatches 629;	Indels 117;	Gaps 11;

[illegible]

Db	872	CTAATGCAACATGAGATTACGTTTATATATTAATAAGAGATGACTTATTCAGATTATAG	931
Qy	794	ATACCTATCGCTCAATTTTCCTTTTATGATATTAAGAGATAC---AAAGATTCAATAGAA	850
Db	932	ATATATCGCTCTTTTGGCAGGTATATGATCAAGTCATACCCGCGGACAAATATGATA	991
Qy	851	GAATAGGTGGCATTAATACTGAACTTACAGAGAAATTTTATCACTGAATTAATTTTG	910
Db	992	ATATGAAACATATCAAAAACAGAAATTTACAGAGAGATTTTATACGCTTTAGTGAATCTC	1051
Qy	911	ACCGTCTTACTTACCTGGAATTCACCCCAATCGCTATATATGGAATTAATTAACAC	970
Db	1052	CTTTAGTAAATCTATGACACACTGGAGGACAGCTTACAGAGATGTTCAATTATTTCA	1111
Qy	971	GTTACGGGCTTATATTTTTCATTTTATAGATGAACCTTATTTTATACAAAAATGAAA	1030
Db	1112	CTTGCTTAAGAGAGTGATTT-----TCTGACCAATATATATATATACAGATTTAAG	1163
Qy	1031	CGTACGGGAATCGTTTAGTTGGTATGTCGAATGTAATATATCTACTTATGCTACACAG	1090
Db	1164	ATT-----TTTATCTGCCAATTAATAATGGGTTTCAATATACAAATTTCTTCGCAA	1213
Qy	1091	GAACTGAATATATATATAGAGAAAGAACAGGTCCACCACACAAAAAATTTAATACAT	1150
Db	1214	TGCAGAAAGTGGAAATTTATGAAAGTTCTGGT-----TTGGTTCAA	1255
Qy	1151	TTGATCTCTATTAAGTTTCAATTGTATACGTATGACAGTAACTCTACTTCCCTTTTC	1210
Db	1256	ATCTTACTCATCAAAATTCACCTTAATCTTATATGTTTATAAACCTTCAATCACAGATCTA	1315
Qy	1211	CTAATCATATCTTTACATTTATCAAAATGGACTTTATTTAAATATTTACCTATGATATA	1270
Db	1316	GCTCCCTCTTAATCGAGTTACAAAATGGAATTTCTACAAAATTTGAT-----	1362
Qy	1271	AATTATACATATACGCTGGGGGGAATTTATCTATATATATAAATAACAACGATTTTCAAT	1330
Db	1363	-----GGTACTCTTGCTCTTATATATTCAAATATATACCAACACTCTGAAAGTTTAA	1414
Qy	1331	TTCCGTATAAAAAAGACTGTAAACCAATTTATATCCAAATTTGTTTCAACAGCTATATA	1390
Db	1415	GGACCAACTTTTTTGGATTTTCAAGAAATGAGAACACACTAATCAACCAACGTATATG	1474
Qy	1391	GTTATAGTCAATTTTATCCAGTTTCTTTATTTAATTTTCCATTAATAATGGAATAG	1450
Db	1475	ATTATATGCAATTTTATAGCTATAT-----AAAAATCGATGTAA	1513
Qy	1451	CGCTAAATATATATATATACAGGTGATTAAGATGGAACACACAGTATGTTAATGAATA	1510
Db	1514	TAGATTTATACAGTAAAGGGTTCATTTCTTGGACACATPAGATTTGTAACCTTATATA	1573
Qy	1511	ATGCAATATCGAATAAATAATTAATTAATCAATGATCCAGCAATCAAAAGTATACAGTCTTGATA	1570
Db	1574	ATCAAAATATACAGATGCTATACACAAGTTCGGCGCTTAAATCTTAACTTCTGTAATG	1633
Qy	1571	CAAACTTAAGTATTTGAAGAGCTGTGTCATACAGAGGAAAATTGGTTATTTTACA	1630
Db	1634	CAACAGCTTAAAGTATCAAGGACCTGTCAATACAGGGGGGATCTATGTTCTTTCA	1693
Qy	1631	GTCA-----AGGGCTTTAAGATTAATCATGTATGAAC-----TCTTATTT	1669
Db	1694	GCAATGTGTACTATATACAGGAGAGATGAGATTCATGTTAATAACAGTATTTTAAATATC	1753
Qy	1670	CTTACACATCTTATTAATTAAGATTTGATAGCTGATACGCTACAAATGGTGC---TGGAAATCTGC	1726
Db	1754	CTACAAAGATTTACGGATTAAGCAATACGTTATATGCTGAAATATGTCAAATTTATGTAATG	1813
Qy	1727	TTCTTAATATATCTTTTACATATACAGAGATTAATGGAATATCAACCTCAACGACTCAACA	1786
Db	1814	TATCATATATATTAACAAGAGTTTCTTGAAGAAACAAGATTAAGTACGAATCTACGTTT	1873
Qy	1787	ACACTTTTCTGGTCAAAATTAATTAATTTTACATATCGAGATTTGGGTA-----	1838

QY	573	ATTGGCGTGAATGAGTAATGACAGTATACATCTCTTCCAAATGAACTTAATGCTGGAAC	632
QY	1715126	TATATAATATATATATATAATATATATATATATAATATATATATATATATAATATATATA	1715067
QY	633	ATCAGATGACTATTATATACTTTAAAAGAAATATATCTTAATATATGTATCTTATGTC	692
Db	1715066	TAAATA	1715007
QY	693	AAATACCTATAGAGAAAGCACTTAATATACTCGAAAGCAACTATATGATGAGAGTAT	752
Db	1715006	AAATA	1714948
QY	753	ATTTAATGATTATCGAAGATATATGACTATTACTGTATTTGATATCTATCGCTCAATTTTC	812
Db	1714947	ACAAAATATATATATATACAAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATA	1714888
QY	813	TTTTTATGATATAAAGATACATAAAGATGCAATGGAAGATAGGTGCAATTATAAATCGA	872
Db	1714887	TA	1714828
QY	873	ACTTACAGAGAAATTTATATCAACTGAATTAATTTTGAACCGTCTTACTTAATCTTGAAT	932

Db	1714767	TATATCATATAAATATATATATATATAAATATATACATATATAATATACATATATAATATATACATA	1714708
Qy	993	ATTTTATGATGAACCTTATATTTTATATACAAAAATGAAACGTACGGAAATCGTTAGTTGG	1052
Db	1714707	TAAATATATACATATAAATATATACCTATATAAATATATATATATAAATATATATA-TAAATATATA	1714649
Qy	1053	TATTCGCAATCGTATATGATCTACTTATGCTACACAGAACTGAAATTTATATATGAGA	1112
Db	1714648	TATATATAAATATATATATATATAAATATATATATATAAATATATATATATAAATATATATACA	1714589
Qy	1113	AAGAACGGTCCACCCCAACAAAACTTATATACATTTGAATCTATATAAGTTTCAAT	1172
Db	1714588	TAAATATATATATATATAAATATATATACATATAAATATATATATAAATATATATATAAATAAT	1714528
Qy	1173	---TGTATCGATATGACAGTAATCTCATCTCCCTTCTTAACATATATCTTACAT	1229
Db	1714528	ATATATATAAATATATATATAAATAATATATATAAATAATATATATAAATAATATATATAAATA	1714465

[illegible][illegible]

Db 6053 ATAAATAA-----AATACATTTATTAATATATATATACCAAAAAATAATAAAAA 5998
Qy 1568 ATACAACTCTAGATATGAAGACCTGTCATACGAGGAACTGGTTATTTAC 1627
Db 5997 AAAAAAAAAATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAATTAACACATTAATTAATACAA 5938
Qy 1628 AAGTCAGGCGCTTTAGATGATCATGTAGACCTGTAATTTTACACAACTTAATACA 1687
Db 5937 TTTTATTTATTTATTTATTTATTTAAATTTAAATTTCAATTTCAATTAATTTTTT 5878
Qy 1688 TTAGACTCGATGACCTACCAATGCTGTGAAAATCTCTTAATATATCTCTCA 1747
Db 5877 TTTATTTTATTTATTTTATTTTATTTTAAATTTTCAATTTTCAATTTTCAATTT 5821
Qy 1748 TACAGAGATATGGAATACCACTCAGACATCAACACTTTTCTGTGACAAAT 1807
Db 5820 TAAAAAATCAATAAAAAAAAAAAAAAAAAATTTTTCATTAATTTTCAATTTTCAATTT 5761
Qy 1808 ATATATATTTTCAATGACGAGATTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAAGTACATTAAC 1867
Db 5760 TTATATATACAAAAATTTTAAATTAATAATTTTCAATTTATTTATTTCAATTTAT 5701
Qy 1868 CTATTAATTCGAATACATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAA 1927
Db 5700 CATCAATTTTCAATTTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTAA 5641
Qy 1928 TCATGATTAATGATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTTAA 1987
Db 5640 AATTTAATCAAAAAAATAAAAAAATAAAAAATCATTAATTAATTAATTAATTTTCA 5581
Qy 1988 AAAAAATAGAACTATCCAAACAAAAAATAATACATTTTTCACAAATCATCAAAAAATA 2047
Db 5580 AATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTTCA 5521
Qy 2048 CTATTAATTTATGAGCCCAAACTATGATTT 2079
Db 5520 AATTTAATTAATAAATTAATTAATTAATTT 5489

RESULT 11
US-10-473-126-240/c
; Sequence 240, Application US/10473126
; Publication No. US20040234973A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: EpiGenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
; FILE REFERENCE:
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473,126
; CURRENT FILING DATE: 2003-09-26
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258
; SEQ ID NO 240
; LENGTH: 8056
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; OTHER INFORMATION: chemically created genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-473-126-240

Query Match 4.2%; Score 86.8; DB 8; Length 8056;
Best Local Similarity 43.3%; Pred. No. 1.6e-05;
Matches 727; Conservative 0; Mismatches 932; Indels 21; Gaps 6;

Qy 390 ATTAACACATCATCAGATTTACCAAGCTGCTTGAATCTTAATAATGATTTGAGAA 449
Db 1700 ATTTTATTAATTTTATTAATAAATTAATTTATCGTATTAATTAATAATTTTATTA 1641
Qy 450 TGTTCACATGATTTTATTTGAGAAATACGCTTTCACACTGGAATTTTAAAGCT 509
Db 1640 TTTTACGATTTGTTTATTTTCAATTTTAAATATTAATAATTAATAATTTAAAT 1581
Qy 510 ATTAATCTATTTATGCGAAGCTGCTAATTTTCAATTAATTTATTAACAAGCTGC 569
||| | | | | | | | | | | | | | | | |

Db 1580 ATTAATTTAATAATTAATTTTAAAAAATAATTTTATTTAAAAATTTTAAACGAT 1521
Qy 570 TGAATGGCTGATGAATGGAATGAGATATACCTTCAATTTGAACTTAATGCTGG 629
Db 1520 TTATATTTTATTTATTAATAATTAATTTAATTAATTAATTAATTTATTTATTTAT 1462
Qy 630 AACATCAGATGATCTATTAATAATTTTAAAAAATAATATACCTTAATTAATGATTAATG 689
Db 1461 TAAAAAATAATTTTATTTTATTTTAAAAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAT 1402
Qy 690 TGAATATACCTATGAGAGACCTAAATACTTGAACGAACCTAATATGAGATGAG 749
Db 1401 CGATATTTATTTATTAATAAATAAATAATTTTAAATTAATAAATAATTAATTAATTTAT 1342
Qy 750 TATATTTAATGATTTGAGAGATATATGATATTTATGATTTATGATTTATGATTTAT 809
Db 1341 TTTTATTTAATAATTTATTAATTTTATTTTATTTATTTATTTTAAAAAATAATTTGCT 1282
Qy 810 TTTTATTTATGATTTAATAAGATATCAAGATTTCAATGAGAAATAGGTGCAATTAAC 869
Db 1281 TTTTATTTATTTATTAATAATTTATGATTTTATTTTATTTGAAAAAATAATTTATTTAT 1222
Qy 870 TGAATTTACAGAGAAATTTATACACTGAATTAATTTGACCGCTTACTTGA 929
Db 1221 TAAAAAATAATTAATTAATTAATTTAATAATTTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTA 1162
Qy 930 AATTTCAACCAATTCGCTATATGATATTAATTTATTAACGCTTCAAGGCTTATGATTT 989
Db 1161 TATTAATTTTAAATTTTTCGATATCGAAAAAATAATTAATAACGAATATTAATTAATG 1102
Qy 990 TTTATTTTATGATGATCTATTTATTTTATTAACAAAAATAAAGTAACGGAATGCTTAT 1049
Db 1101 AAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1042
Qy 1050 TGTATTTGCGATATGATATGATCTATTTATGCTACAGAGAACTGAATTAAT-ATATG 1108
Db 1041 GAATTTAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 982
Qy 1109 GAGAAAGACAGTCCACCAACAAATACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1168
Db 981 TATTTATTTGCTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 922
Qy 1169 CAATTTATGATGATGACGATGATCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 1223
Db 921 ACGAGCAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 862
Qy 1224 TACATTTATCAAAATTTGAATTTATTTAATTAATTTCACTGATTAATTAATTAATTAATTC 1283
Db 861 AATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 802
Qy 1284 AGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1343
Db 801 TAAATATATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 742
Qy 1344 AGACTGTAACCAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1403
Db 741 ATTAATAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 682
Qy 1404 TTTATCCAGTTTCTTATTTATTTATTTCTATTAATTTGATTT-----AGC 1451
Db 681 TATTTTATTTTATTTTATTTTATTTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 622
Qy 1452 GCTAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1511
Db 621 TTTATTAATAATTTTATTTTATTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 562
Qy 1512 TGCATATTCAGATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1571
Db 561 TATTAATA-ATTAATAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 503
Qy 1572 AACTCTTAAGTAAATGAAGACCTGCTCATACAGAGAACTTGCTTTATTTCAAG 1631
Db 502 AATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 443

QY 1632 TCAAGGCGTTTAGAGATTACATGTAGAACTCTTAATTTACACAATCTTATTAACATTAG 1691
DB 442 TTTTAAAAAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 383
QY 1692 ACTTCGATAGCGTACAAATGCTGTGGAATACCTCTCTAATATATCTCTACAAATACC 1751
DB 382 TATTTTAAATTCGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 323
QY 1752 AGGAGTATAGAAATACCACTCAAGCACTCAACACACTTTTCTGGTCAAAATTAATA 1811
DB 322 ATTTTTTAAAAAATAATTTTAAAAAATAAATTTTATTTTATTAATTAATTAATTAATTA 263
QY 1812 TAA-TTTTACAATACGAGATTTTGGTATTTCCAAATTTCCAAAGTACATTAACCTT 1870
DB 262 AAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTAAT 203
QY 1871 TAAATCAAAACATACATTTATTAATTTATCGTGAGATGATACAAATTCATTTTATCA 1930
DB 202 AATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 143
QY 1931 TTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1990
DB 142 AAAAAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 83
QY 1991 AATTAGAACTATCCAAACAAATAATTAATTAATTTTTCACAAATCATACAAAAATACCT 2050
DB 82 AATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA 23

RESULT 12
US-10-473-126-386
; Sequence 386, Application US/10473126
; Publication No. US20040234973A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Epigenomics AG
; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
; FILE REFERENCE:
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/473.126
; CURRENT FILING DATE: 2003-09-26
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258
; SEQ ID NO 386
; LENGTH: 8056
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-473-126-386

Query Match 4.0%; Score 83.2; DB 8; Length 8056;
Best Local Similarity 43.5%; Pred. No. 7.2e-05;
Matches 783; Conservative 0; Mismatches 993; Indels 24; Gaps 8;
QY 279 AAGCATAAACAGCTAAAGTTTACAACTTTAGAAAGATTAGACAAATATTTCAAGCTA 338
DB 327 AATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 386
QY 339 TAAATACGATTTAGATGATTTGAGAAATTAATAAGACTACAACTCTGATTCACACC 398
DB 387 TAAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 446
QY 399 ATCATCAGATTTACAAAGCTGCTTGAATCTTAATAATAGATTTGAGATTTTCAAA 458
DB 447 AAAAAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 506
QY 459 TGATTTTATTCGAGAAATACCTGTTCCAACTTGAACCTTAATAAAGCTATTACTACC 518
DB 507 TATTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 562
QY 519 TATTTATGCGGAGACGCTGATTTTTCATTTAAATTTTATACAAAGGTGCTGAATTGGC 578
DB 563 ATGTTTATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 622

QY 579 TGATGATGAAATGCAGATATACATCTTCACAAAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCAGA 638
DB 623 TTTAAATATTTTAAATAATTAATTTAAATTAATTAATTTTAAATAAATAAATAAATAAATA 682
QY 639 TGACTATTTTAACTTTTAAAGAAATATACCTAATATATGTAATCTATTGGCAATATAC 698
DB 683 TAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAT 742
QY 699 CTATAGAGAAGCTAATAATACTTGAAACAGACCTAATATGATGATGAGATATATTA 758
DB 743 AAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 802
QY 759 TGATTTACAGATATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 818
DB 803 AATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 862
QY 819 TGATTAATAAGATTCAAAGATTCATAGAGAAATAGGTGGCATTTAACTGAACTTAC 878
DB 863 TTTTATTAATTAATAAATAATTTGTAATTA-----TTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTGG 917
QY 879 AAGAGAAATTTTATACACTGAATAATTAATTTTGACGCTTACTTACCTTGAATTCACAC 938
DB 918 TTGTTTGTGATTAATTTTATTTTAAATAATTTTATTTTATTTTATTTAATTAATTAAT 977
QY 939 CAATCTGCTATTAATGAAATTAATTAATTAACAGCTTCAGGCTTGAATTAATTTCAATTTT 998
DB 978 AATTAATTAATTAATTTTAAATAATTAATTTTAAATAATTTTAAATAATTTTAAATTTTAA 1037
QY 999 AGATGAATTTATTTTATTAACAAATAATGAACATGCGGAATCGTTAGTGTGATTTGC 1058
DB 1038 TTTTGAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATAATTTTAAATAATTTTAA 1094
QY 1059 GAATCGTAATTAATGACTTATAGCTACGACAGGAATGAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1118
DB 1095 ATGTTTAAATAATTTATTAATTTGTTTAAATTTTAAATTTTGAATTTGAAATTTTAA 1154
QY 1119 AGGTCCACCCACAAACAAACCTTAATACATTTGAATCTTAATTAATTTGCAATTTGTAAC 1178
DB 1155 ATTAATTAATTTTATTAATTAATTAATTTTAAATAATTTTAAATAATTTTAAATAATTTAAT 1214
QY 1179 TGATTAAGCAATGATACCTTACCTTCCCTTTTCTTAATTAATTAATTTTCAATTAATCAAA 1238
DB 1215 TTTTAAATTAATTAATTAATTTTGAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1274
QY 1239 TGAATCTTATTTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1298
DB 1275 TATTAATAATTAATTAATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 1334
QY 1299 ATCTAATGAATTAATAAACAATGATTTTCAATTTCTGTAAATAAAGACTGTAAACCAAT 1358
DB 1335 AATTAATAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATAATTTTAAATAATTTTAAATAATTTTAAATAAT 1394
QY 1359 TATTAATCCAAATTTTTCACAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1418
DB 1395 AATTAATGAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATAAATAAATAAATAAATAAATA 1454
QY 1419 TTTAATTAATTAATTTCTAATAAATTTGATTAAGGCTAAT--ATATTAATTAACAGTGA 1476
DB 1455 TTTTAAATAAATAATTAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATAA 1514
QY 1477 TTAGATGACACACAGATGATTTAATAGAAATTAATGCAATATCAGATTAATAATTAATTA 1536
DB 1515 ATTAATAATTAATTAATAAATAATTTTAAATAAATAATTTTAAATAAATAATTAATTAATAA 1574
QY 1537 ATGATCCAGCAATCAAAAGTAAACGCTTGTATCAAACTTAAGGTAATTTGAAGACCT 1596
DB 1575 TTTAATAATTTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATAAATAATTTGAATTAATTAAT 1634
QY 1597 GGTCAATACGAGGAATCTGTTTATTTTAAAGTCAAGGCGCTTAAAGATTAATCATGT 1656
DB 1635 G--TAAATAAATAAATAATTTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATAATTT 1692

1657 AGAAGCTTATCTACACATCTTAATACATTAAGTACCTGATACGCTACAAATGCTGCT 1716
 1693 ATAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1752
 1717 GGAATATCTCTCTTAATATATCTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1775
 1753 ATAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1812
 1776 ACGCTACACACATCTTTCTGCTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1835
 1813 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1872
 1836 GTATTCCTCAATTTCCAGTACAGTACATCTTAATGAAACATACCATTAATTAATTAATTA 1895
 1873 AATTAATTTATTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1932
 1896 TAATCGTGCAGATGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1955
 1933 TTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1992
 1956 TACTTCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2015
 1993 TTAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2048
 2016 AATATCAATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2075
 2049 ---TTTATTTTAAAAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2105

RESULT 13

US-09-826-660-5
 ; Sequence 5, Application US/09826660
 ; Patent No. US20010026940A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Cardineau, Guy A.
 ; APPLICANT: Steilman, Steven J.
 ; APPLICANT: Natva, Kenneth E.
 ; TITLE OF INVENTION: Plant-Optimized Genes Encoding Pesticidal Toxins
 ; FILE REFERENCE: MA-714XCD1
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/826,660
 ; PRIOR FILING DATE: 2001-04-05
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/178,252
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-10-23
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065,215
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-11-12
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/076,445
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-03-02
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 27
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
 ; SEQ ID NO 5
 ; LENGTH: 3522
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*
 US-09-826-660-5

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 3; Length 3522;
 Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 0.00024;
 Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

436 ATACGATTTGAGATGTTTACAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGA 495
 388 ATTGATTTGCTAATACAGACGACCTTTAATTAACAGCAATTAATTTTACACTTACA 447
 496 ACTTATTAACGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 555
 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGGTATGTTCAAGGGGCAATTTTACATTATACACTA 507
 556 TTACACAGAGTGTGCTGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 615
 508 TTAAGAGCGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATG 567
 616 GAACCTAATGCTGAAACATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 675

568 C-----ATTATATAGATTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 600
 676 TATAGTACTATTGTCGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 735
 601 TATAGCAACATTTGTTGACATACATCAATCAGATTAAGAACTTAAGAGTACTAAT 660
 736 AATATGAGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 795
 661 ACTGACAAATGGGCAAGATTTCAATCAGTTTATGAGAGATTTAATCACTTACTGATTAAT 720
 796 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 833
 721 ATCGTGTCTCTTTTCCGAACTACGATGTTAGAACATA 758

RESULT 14

US-09-837-961-7
 ; Sequence 7, Application US/09837961
 ; Publication No. US20040058860A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Payne, Jewel
 ; APPLICANT: Sick, August
 ; TITLE OF INVENTION: No. US20040058860A1 *Bacillus thuringiensis* Isolate Active Again
 ; FILE REFERENCE: MA-43CDP2D3
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/837,961
 ; CURRENT FILING DATE: 2001-04-19
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/521,344
 ; PRIOR FILING DATE: 2000-03-09
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/933,891
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-09-19
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/356,034
 ; PRIOR FILING DATE: 1994-12-14
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/210,110
 ; PRIOR FILING DATE: 1994-03-17
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/865,168
 ; PRIOR FILING DATE: 1992-04-09
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 07/451,261
 ; PRIOR FILING DATE: 1989-12-14
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 371,955
 ; PRIOR FILING DATE: 1989-06-27
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
 ; SEQ ID NO 7
 ; LENGTH: 3522
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: *Bacillus thuringiensis*
 US-09-837-961-7

Query Match 3.8%; Score 79.6; DB 3; Length 3522;
 Best Local Similarity 53.3%; Pred. No. 0.00024;
 Matches 212; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 27; Gaps 1;

436 ATACGATTTGAGATGTTTACAAATGATTTTATGAGAAATACCTGTTTCCAACTTGA 495
 388 ATTGATTTGCTAATACAGACGACCTTTAATTAACAGCAATTAATTTTACACTTACA 447
 496 ACTTATTAACGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 555
 448 AGTTTGAATCCCTCTTTATCGGTATGTTCAAGGGGCAATTTTACATTATACACTA 507
 556 TTACACAGAGTGTGCTGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 615
 508 TTAAGAGCGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATG 567
 616 GAACCTAATGCTGAAACATCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 675
 568 C-----ATTATATAGATTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 600
 676 TATAGTACTATTGTCGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 735
 601 TATAGCAACATTTGTTGACATACATCAATCAGATTAAGAACTTAAGAGTACTAAT 660

QY	736	AATATGAGTGGAGATATTATGATATCGAAGATATACATTACTATAAGAT	795
Dd	661	ACTCGACAATGGGCMAAGATTCAATCAGTTAGAGAGATTAACTTACTGTATTAGAT	720
QY	796	ACTATCGTCATTTTCTTTTATGATAPPAAGAAGATA	833
Dd	721	ATCGTGCTCTTTTCCGAACCTACAGATGTGAACATA	758

RESULT 15
US-10-825

```

Sequence 7, Application US/10825751
Publication No. US20040194165A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Payne, Jewel
APPLICANT: Sick, August J.
TITLE OF INVENTION: Novel Bacillus thuringiensis Isolate Active Against Lepidopteran
TITLE OF INVENTION: Pests, and Genes Encoding Novel Lepidopteran-Active Toxins
FILE REFERENCE: MA-43CDE224
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/825,751
CURRENT FILING DATE: 2004-04-16
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 09/837,961
PRIORITY FILING DATE: 2001-04-19
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 09/521,344
PRIORITY FILING DATE: 2000-03-09
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 08/933,891
PRIORITY FILING DATE: 1997-09-19
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 08/356,034
PRIORITY FILING DATE: 1994-12-14
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 08/210,110
PRIORITY FILING DATE: 1994-03-17
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 07/865,168
PRIORITY FILING DATE: 1992-04-09
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 07/451,261
PRIORITY FILING DATE: 1989-12-14
PRIORITY APPLICATION NUMBER: US 371,955
PRIORITY FILING DATE: 1989-06-27
NUMBER OF SEQ ID NOS: 10
SOFTWARE: PatentIn version 3.2
SEQ ID NO 7
LENGTH: 3522
TYPE: DNA
ORGANISM: Bacillus thuringiensis
US-10-825-751-7

```

Query Match	3.8%;	Score 79.6;	DB 8;	Length 3522;
Best Local Similarity	53.3%;	Pred. No. 0.00024;		
Matches 212;	Conservative	0;	Mismatches 159;	Indels 27;
				Gaps 1

QY	436	ATACGATTTGGAAATGTTCAACATGATTTTATTCGGAAATACCTGGTTTCCAACTGGA	495
Db	388	ATTGATTTGCTAATACAGACGACGCTTTAATACAGCAATTAATTAATTTTACACTTAC	447
QY	496	ACTATAAAGCGTATTACTCTATTATTCGGCAGACGTCTAATTTTCAATTAATTTA	555
Db	448	AGTTTGAATATCCCTTTTATTCGGTCTAATGTTCAAGCGGCAATTTACATTTATACAT	507
QY	556	TTACACAAGGCTGGAATTTGGCTGATGATGGAATGAGATATACATTCCTTCACAATT	615
Db	508	TTAAGAGAGCGGTATTCGTTTGGGACGGTGGGACCTGGAATATACCTATCTGTTAATAT	567
QY	616	GAACCTAATGCTGGAAACATCAAGTACTTATTAACCTTTTAAAGAAAATATACCTAAA	675
Db	568	C-----ATTATTAATAGATTAATAATCTTATTTCTATGAG	600
QY	676	TATAGTACTATTGCGCAATACCTATACAGAAAGACTAAATTAACCTTGGAAACGAACCT	735
Db	601	TATACGAAACATGTTTGGACACATACATCAAGATTGAAAACTTAAGAGGTACTAAT	660
QY	736	AATATGAGTGAATATTTATGATTTATCGAAGATATATGACTTATCTGATTAAGAT	795
Db	661	ACTGCACAAATGGGCAAGATTCATCACTGTTTAGAGAGATTTTAACACTTACTGATTAAGAT	720

Qy 796 ACTATCGCTCAATTTCTTTTATGAATATAAGAGTA 833
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
Db 721 ATCGTTGCTCTTTTCCGACATCGATGTAGAACAATA 758

Search completed: December 22, 2005, 01:12:54
Job time : 1678.55 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 12:24:22 ; Search time 8268.57 Seconds
(without alignments)
11797.817 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-3

Perfect score: 2085
Sequence: 1 atgtctcaagsgaatcacac.....caactatgatattgattaa 2085

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 41078325 seqs, 23393541228 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 82156650

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

EST:*
1: gb_est1:*
2: gb_est2:*
3: gb_est3:*
4: gb_est4:*
5: gb_est5:*
6: gb_est6:*
7: gb_est7:*
8: gb_est8:*
9: gb_est9:*
10: gb_est10:*
11: gb_est11:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
C 1	100	4.8	2157	10	CL081966 CH216-165
C 2	98.4	4.7	1758	10	CL0509408 SAIL 811
C 3	95.2	4.6	1981	10	CL082000 CH216-165
C 4	90.2	4.3	1392	10	CG757503 P052-4-CO
C 5	90	4.3	1539	10	AG340947 Mus muscu
C 6	90	4.3	1896	10	CG753083 P048-1-CO
C 7	89.4	4.3	1542	10	AG386981 Mus muscu
C 8	88.8	4.3	1608	10	CL118721 ISB1-72J8
C 9	88.4	4.2	1489	10	AG350139 Mus muscu
C 10	87.2	4.2	734	10	CNS010MP Drosophi1
C 11	86.8	4.2	1348	10	CG749499 P043-4-AO
C 12	86	4.1	1101	10	CNS00EVL Drosophi1
C 13	85	4.1	1391	10	CG754863 P050-2-GO
C 14	84.6	4.1	1242	10	CL068807 CH216-115
C 15	84.6	4.1	2270	10	AG279272 Mus muscu
C 16	81.4	3.9	994	11	CNS04NOJ Tetradon
C 17	81	3.9	1272	1	AJ927522
C 18	80.6	3.9	1271	10	CG748753 P042-4-AO
C 19	79.8	3.8	1038	11	CNS06L7M T3 end of
C 20	79.8	3.8	1101	10	CNS0039G Drosophi1
C 21	79.8	3.8	1238	1	AJ925855
C 22	79.4	3.8	1254	10	AG349719 Mus muscu

C 23	79.2	3.8	1928	10	CL073845 CH216-130
C 24	78.8	3.8	1594	10	CL110653 ISB1-53P2
C 25	78.6	3.8	1592	10	CG750135 P044-3-D0
C 26	78.2	3.8	1592	10	CG750135 P044-3-D0
C 27	78.2	3.8	1605	8	DN712410 CNB02-B08
C 28	78.2	3.8	1811	10	CG753732 P048-4-G0
C 29	77.6	3.7	1632	10	CL082569 CH216-167
C 30	77.4	3.7	1095	1	AJ926415
C 31	77.4	3.7	1313	7	CK997149 ip15C02.b
C 32	77.4	3.7	1388	10	AG278124 Mus muscu
C 33	76.8	3.7	1202	9	CC262481 CH261-167
C 34	76.4	3.7	1200	1	AJ928743
C 35	76.4	3.7	1277	9	CC253231 CH261-180
C 36	76.4	3.7	1380	1	AJ928744
C 37	76.4	3.7	1626	6	CP238805 AGENCOURT
C 38	76.4	3.7	1807	10	AG333676 Mus muscu
C 39	76.2	3.7	1201	10	CNS0167M AL106396 Drosophi1
C 40	76.2	3.7	1210	10	CG749728 P044-1-CO
C 41	76.2	3.7	1272	9	CC264939 CH261-19L
C 42	76.2	3.7	1896	10	CG753083 P048-1-CO
C 43	76	3.6	1962	10	AG390999 Mus muscu
C 44	75.8	3.6	1101	10	CNS0039G AL063921 Drosophi1
C 45	75.8	3.6	1359	8	DN685273 CG440-G12

ALIGNMENTS

RESULT 1
LOCUS CL081966 2157 bp DNA linear GSS 31-DEC-2003
DEFINITION CH216-165D13 Sp5.1 CH216 Xenopus tropicalis genomic clone
CH216-165D13, genomic survey sequence.
ACCESSION CL081966
VERSION CL081966.1 GI:40537879
KEYWORDS GSS.
SOURCE Xenopus tropicalis (western clawed frog)
ORGANISM Xenopus tropicalis
Xenopus tropicalis
Bukaryota; Metazoa; Chordata; Craniota; Vertebrata; Euteleostomi;
Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipidoidea; Pipidae;
Xenopodinae; Xenopus; Silurana.
REFERENCE 1 (bases 1 to 2157)
Kremetzki, C., Carter, J., McPherson, J., Warren, W., Graves, T.,
Mardis, E. and Wilson, R.
A physical map of the xenopus tropicalis genome
Unpublished (2003)
CONTACT: Richard K Wilson
Genome Sequencing Center
Washington University School of Medicine
Email: rk.wilson@wustl.edu
Insert Length: 175000 Std Error: 0.00
Seq primer: Sp5 atctgccttcgattcct
Class: BAC ends
High quality sequence start: 341
High quality sequence stop: 412.
Location/Qualifiers
1..2157
/organism="Xenopus tropicalis"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="Nigerian frog"
/db_xref="taxon:8364"
/clone="CH216-165D13"
/sex="male"
/cell_line="Stock 248 F7A2, inbred N7"
/clone_id="CH216"
/note="Vector: pTARAC2.1; CHORI-216 Xenopus tropicalis
BAC library"

FEATURES

source

ORIGIN

Query Match 4.8%; Score 100; DB 10; Length 2157;
Best Local Similarity 43.6%; Pred. No. 2.5e-08;
Matches 645; Conservative 0; Mismatches 820; Indels 13; Gaps 4;

QY	609	ACAAATTGAACCTTAATGCTGGAAACATCGAGTACATATATTAACCTTTTAAAGAAATAT	668
Db	1775	ACAAAAATTACATTTTAAAAAAAATAAAAAATTAATTTATTAATAAATTAATTAATAT	1716
QY	669	ACCTAAATATATGTAATAATGTGCAAAATACCTATATAGAAAGAACTAAATTAACCTTGAAA	728
Db	1715	AAATCAAAATATATTAATTAACAATAAAAAATTAATAAATA-----AATTAATAAATAAATA	1661
QY	729	CGAACCTTAATATGATGAGATATTTTAATGATTTATGGAAGATATATGACTTATCTGT	788
Db	1660	AAAAAAAATTAATATACAAAAACAAAAATTAATAATTAATAAATTAATAAATTAAT	1601
QY	789	ATTAGATCTACATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATATACAAAGATCAATAGG	848
Db	1600	AAAAAATATATATGAAACATATATTAATAATTAATAAATAAATAAATTAATGAACAAAAATAT	1541
QY	849	AAGAATAGTGGACTTAAACCTGAACCTTACAAGGAATTTATCAACTGAATTAATTTT	908
Db	1540	AAAAATTAATAACAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1481
QY	909	TGACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCATCTCGCTATTAATGGAATTAATTTTAC	968
Db	1480	TATTAATAATTAACAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1421
QY	969	ACGTTACAGGGCTTGATATATTTTCAT-TTTAGATGAACCTTATTTTATCAAAAAATG	1027
Db	1420	AAATTTAAAAAAAACATATATTTAAAAAATATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1361
QY	1028	AAAGCTACGGGATCGTTAGTGTATTTGGCAATCGTAATGATCTTACTATGCTACGA	1087
Db	1360	AAATATTAATTAATTAACAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1301
QY	1088	CAGGAACTGAATTTATATATGAGAGAGAACAGGTCCACCAACAATAAATTAAATAC	1147
Db	1300	AAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1241
QY	1148	CATTGAATCCTATTAAGTTTCAATGTGAACGATGAGCAAGTAACTCTTACCTCCCTT	1207
Db	1240	AAAAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1181
QY	1208	TTCCTAACATATCTTTCATTAATATCAATTAATCAATTTATTTAAATTAATCACTGATA	1267
Db	1180	ATATATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1122
QY	1268	ATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAATAAATAAATAAATTC	1327
Db	1121	TAAAAAAAACAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1062
QY	1328	AATTTCCGTAAAAAAAAGACGTGAACAATATTAATCCAAATTTGTTACCAAGCTATA	1387
Db	1061	AAAAAAAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	1002
QY	1388	ATAGTTATAGTCATTTTATTCGCCGTTTCTTATTAATTAATTAATCTCATTAATTTGGAT	1447
Db	1001	AAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	942
QY	1448	TAGCGCTTAATATATTAATATACAGGTGCAATTAGATGAGCAACAAGTATGTTAATGA	1507
Db	941	AATATATATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	882
QY	1508	ATATATGCAATATCGATTAATAATTAATCAATGATCCGACATCAAAAGTATACGCTTG	1567
Db	881	AATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	822
QY	1568	ATACAAACTTAAGGTATTTGAAGACCTGGTCAATACGAGGGAACCTGGTTATTTAC	1627
Db	821	ATTAAT-----AAAAAATATATTAATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	768
QY	1628	AAAGTCAAGGGCGTTTAGAGATTAATCATGTAGAACTCTTAATTTCAACAATCTTATTTACA	1687
Db	767	TTAATATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA	708
QY	1688	TTAGACTTCGATACGCTACAAATGTGCTGGAATATCTTCTCTAATATATCTCTTACA	1747

[illegible]

QY	549	AAATTTTTCACAAAGGTGCTGAATTGCGTGAAGAAATGCAATGCAATATACATCTTC	608
Db	144	AA	203
QY	609	ACAAATTGAACCTAATGCTGGAACATGATGACTATATTAACCTTTTAAAGAAATAT	668
Db	204	AA	263
QY	669	ACCTAAATATATGTAATCTATTGTGCATAATCTATATGAGAGAGACTAAATTAATTCGAA	728
Db	264	NN	323
QY	729	CGAACCTAATATGAGATGAGACTATATTTAATGATATGGAATATATGACTATACGT	788
Db	324	MAANN	383
QY	789	ATTAGATACATACGCTCAATTTCTTTTATGATATATAAGATACAAAGATTCATAGG	848
Db	384	ANAAAAAAAAAAAAAAAAATNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN	443
QY	849	AAGATATGCTGCTTAAACTGAATTACAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTT	908
Db	444	AAANN	503
QY	909	TGACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCAATCTGCTTAATGGAATTAATTTTAC	968
Db	504	AA	563
QY	969	ACGTTACGGGCTTATGATTAATTTTCATTTTATGATGATTAATTTTATACAAAATATGA	1028
Db	564	AAANANNNANNNANNNANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN	623
QY	1029	AACCTACGGGATCGTTTAGTTGATTCGAAATCTGATATGATCTACTTATGCTACGAC	1088
Db	624	AAANN	683
QY	1089	AGCAACTGAATTTATATATGAGAAAGCAAGCTCACCCACAACAAACTTAAATAC	1148
Db	684	ANNN	743
QY	1149	ATTGAATCCATATAAGTTTCAATTTGTATACGTATAGACAACTAACTCTTCCCTTT	1208
Db	744	AAAAAANNN	803
QY	1209	TCTTACATATACCTTACATTAATCAATTTGAACCTTATTTAAATTAATCACTAGTAA	1268
Db	804	NATTAANNN	863
QY	1269	TAAATTAACATTCACGCTGGGGGAATTTATCTA--ATGATTAATAAACAACGATTT	1325
Db	864	ATTAATTAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	923
QY	1326	TCAATTTCTGTAAAAAAGACGTAAACCAATTAATTAATCCAAATTTGTTTACCAAGCTA	1385
Db	924	TNAAAAANTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	983
QY	1386	TAAATGTTATATGCTATTTTATCCAGTTTCTTATTTAATTAATTCCTATTAATTTG	1445
Db	984	TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1043
QY	1446	ATTGACGCTAATATATATATATACAGCGCACTTGGATGAGCAACACACTAGCTTAATAG	1505
Db	1044	AATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1103
QY	1506	AAATATATGCAATATCAGATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1565
Db	1104	NTTTTAATATTAATTAATTTTNTATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTA	1163
QY	1566	TGATATCAAACTCTAAGTTAATTTGAAGACCTGGTATACAGAGGAACTTGGTTATTT	1625

D	b		1164	TANAANTTAATTTAANNTTATTAAATNTTATAAAAAATTATNNAATTAATATNTAANNTAT	1223
Oy			1626	ACAAAGTCGAAGGCGCTTAGAGATTCACTGTAGAATCCTTAATTCATACAAATCTTATT	1685
D	b		1224	TAAATTAATNTTATTTATTAATTAATATTAATTAANNAATTTTNTTATTAATTAATTAATTA	1283
Oy			1686	CATTGACTTCGATACGGCTCAAAATGGTGCGGAAAATACCTCTTCCTAATATATCGCTTAC	1745
D	b		1284	AATATTAATTAANNNTTAATTAATTAANNNNAAAAATATTTATTAATAATATNTNTTAT	1343
Oy			1746	AATACGAGATATTAATTAATTAATTAATCCACTCAACGCTCAACAACAATTTTTCTGTACAA	1805
D	b		1344	ATTATTAATTAATNTTAATTAATTAANNAATTAATATATATTTATTNNNAANTATTNTTATNA	1403
Oy			1806	TTATTAATTAATTTACAATACGAGATTTGGGTATTTCCATTTCCAATTCACATGATACATT	1865
D	b		1464	ATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT	1522
Oy			1926	AATCATGATTAATTAATTTGAATTTATACCAATTTACTTCCTCTGTAGCCCAAAATAGAGAA	1985
D	b		1523	TATTTAATTAATTTATTTATNTNTTATNTTATNTTATTTTNTTNTTATTTATTTATTAAN	1582
Oy			1986	ACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2045
D	b		1583	NANTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAANNTN	1642
Oy			2046	TACTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	2081
D	b		1643	TNTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1678
RESULT 3					
CL082000/c					
LOCUS			CL082000	1981 bp	DNA linear GSS 31-DEC-2003
DEFINITION			CH216-165P18 RM4.1 CH216 Xenopus tropicalis genomic clone		
ACCESSION			CH216-165P18		genomic survey sequence.
VERSION			CL082000		
KEYWORDS			CL082000.1	GI:40537913	
SOURCE			GSS.		
ORGANISM			Xenopus tropicalis	(western clawed frog)	
			Xenopus tropicalis		
			Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;		
			Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipidoidea; Pipidae;		
			Xenopodinae; Xenopus; Silurana.		
			1 (bases 1 to 1981)		
			Kremetzki,C., Carter,J., McPherson,J., Warren,W., Graves,T.,		
			Mardis,E. and Wilson,R.		
			A physical map of the xenopus tropicalis genome		
			unpublished (2003)		
JOURNAL COMMENT			Contact: Richard K Wilson		
			Genome Sequencing Center		
			Washington University School of Medicine		
			Email: submissions@atson.wustl.edu		
			Insert Length: 175000 Std Error: 0.00		
			Seq primer: RM4 ctcaaggagcatcgctgcgac		
			Class: BAC ends		
			High quality sequence start: 265		
			High quality sequence stop: 497.		
FEATURES			location/Qualifiers		
Source			1..1981		
			/organism="Xenopus tropicalis"		
			/mol_type="genomic DNA"		
			/strain="Nigerian frog"		
			/db_xref="taxon:8364"		
			/clone="CH216-165P18"		
			/sex="male"		
			/cell_line="Stock 248 F7A2, inbred N7"		
			/clone_lib="CH216"		
			/note="Vector: pTRABAC2.1; CHOR1-216 Xenopus tropicalis"		

ORIGIN

BAC library"

Query Match 4.6%; Score 95.2; DB 10; Length 1981;
 Best Local Similarity 43.2%; Pred. No. 1.9e-07;
 Matches 620; Conservative 0; Mismatches 798; Indels 16; Gaps 3;

QY 658 AAGAAATATACCTTAATATAGTAATCTATGCAAAATCTATAGAGAGGCTAAAT 717
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1919
 QY 718 AATCTGGAAGCACTTAATATAGTGAATATATTAATGATTAATCGAAGTATATG 777
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1919
 QY 1918 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1859
 QY 778 ACTATTAAGTATGATTAATCTGCTCAATTTTCTTTTA-----TGATATA 826
 DB TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1799
 QY 827 AGAGATTCAGAAATTCATATGAGAAATAGGTGGCATTAATACTGAACCTTACAGAGAAA 886
 DB ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1739
 QY 887 TTTATCAACTGAATTAATTTTGACCGTCTTACTTACTTGAATTCAGACCAATCTCG 946
 DB TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1679
 QY 947 CTATTAATGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1006
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1619
 QY 1007 TTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1066
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1559
 QY 1067 ATAGATCTACTTAATGCTAGAGCACTGAATTTATATATGAGAAAGAACGCTCCAC 1126
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1499
 QY 1127 CCACAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1186
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1439
 QY 1187 AAGTAATCTACTTCCCTTTCTTACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1246
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1379
 QY 1247 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1306
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1319
 QY 1307 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1366
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1259
 QY 1367 CAATTTGTTTCAAGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1426
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1199
 QY 1427 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1486
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1139
 QY 1487 CACACAGATGTTT---AATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1543
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1079
 QY 1544 CAGCAATCAAGGTAACTGCTTGATCAAACTCTAAGGTAATTAAGGAGCTGTCATTA 1603
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1019
 QY 1604 CAGGAGAACTTGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGCTTGAAGATTAATTAATTAATTAATTA 1663

DB 1018 AAAAAAAAAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 959
 QY 1664 CTAAATCTACACAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1723
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 899
 QY 1724 CTCTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1783
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 841
 QY 1784 ACAACACTTTTCTGATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1843
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 781
 QY 840 AA 781
 QY 1844 AATTTCCAGTACAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1903
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 721
 QY 780 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 721
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 661
 QY 1904 CAGATGTATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1963
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 661
 QY 1964 CTGTAGCCCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2023
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 601
 QY 2024 TTTTCAAAATCAATCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2077
 DB AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 547

RESULT 4
 CG757503/c 1392 bp DNA linear GSS 24-OCT-2003
 LOCUS CG757503
 DEFINITION P052-4-C08.2a Ppa EcORI BAC library *Pristionchus pacificus* genomic,
 genomic survey sequence.
 ACCESSION CG757503
 VERSION CG757503.1 GI:37986131
 KEYWORDS GSS.
 SOURCE *Pristionchus pacificus*
 ORGANISM *Pristionchus pacificus*
 Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida;
 Neodiplogasteridae; *Pristionchus*.

REFERENCE
 1 (bases 1 to 1392)
 Sriniivasan,J., Slisz,W., Jesse,T., Wiggers-Perebolte,L., Jansen,K.,
 Buntjer,J., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.
 An integrated physical and genetic map of the nematode *Pristionchus*
pacificus.
 Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)

TITLE
 JOURNAL
 PUBMED
 COMMENT
 Contact: Sommer RJ
 Evolutionary Biology
 Max-Planck-Institute for Developmental Biology
 Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany
 Tel: 00497071601371
 Fax: 00497071601498
 Email: ralf.sommer@tuebingen.mpg.de
 Class: BAC ends.

FEATURES
 source
 1..1392
 Location/Qualifiers
 /organism="Pristionchus pacificus"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="California"
 /db_xref="taxon:54126"
 /clone_1fb="Ppa EcORI BAC library"
 /note="The library was generated by a partial digest of
 the genomic DNA with EcORI and cloning into the BAC
 vector."

ORIGIN
 Query Match 4.3%; Score 90.2; DB 10; Length 1392;
 Best Local Similarity 44.0%; Pred. No. 1.6e-06;
 Matches 412; Conservative 0; Mismatches 523; Indels 1; Gaps 1;

```

QY 638 ATGCTATTATTAACCTTTAAAGAAAATATACCTAATATATAGTACTATTGCAATA 697
Db 1339 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1280
QY 698 CTTATAGAGAGAGACTAATTAACCTTGAAAAGAACTTAATATAGATGAGATATATTA 757
Db 1279 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1220
QY 758 ATGATTTACGAAGATATATGACTTTACTGTATTAAGTACTATGCTCAATTTCTTTT 817
Db 1219 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAAT 1161
QY 818 ATGATTAAGAGATACAAAGATTCATAGAGAGATGAGGACTTTAAACCTGAACTTA 877
Db 1160 TATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1101
QY 878 CAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTTGAACCGCTTACTTACCTGAAATTCAC 937
Db 1100 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1041
QY 938 CCAATCTCGCTATATAGATATATTAACACGCTCAGGCTTATGATTATTTCAATTT 997
Db 1040 TTATTTAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 981
QY 998 TAGATGAACTTATTTTATACAAAAATGAACGTAACGGAATCGTTTACTGTATG 1057
Db 980 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 921
QY 1058 CGAATCTTAATAGATCTTATCTATCTACGACAGAACTGAATTTATATATGAGAGAA 1117
Db 920 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 861
QY 1118 CAGGTCAACCAACAAAACTTAAATACATTTGAATCTTAATTAATTAATTAATTA 1177
Db 860 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 801
QY 1178 CTGATAGCAAGTACTCTCTCCCTTTCCATCATATCTTATCATTAATCAAA 1237
Db 800 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 741
QY 1238 TTGAATCTTATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1297
Db 740 AAAAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 681
QY 1298 TATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1357
Db 680 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 621
QY 1358 TTATTAATCAAAATTTGTTACCAAGCTATATAGTATAGCATTTTATCCAGTTT 1417
Db 620 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 561
QY 1418 CTTATTTAATTAATTTCTATATAAATTTGATTAAGCTTAATTAATTAATTAATTA 1477
Db 560 AATTAATTAATTAATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTA 501
QY 1478 TAGATGACACACAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1537
Db 500 TATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 441
QY 1538 TGATCCCGCAATCAAGATTAAGTCTTGTATCA 1573
Db 440 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 405

```

```

RESULT 5
AG340947/c 1539 bp DNA linear GSS 18-DEC-2004
LOCUS AG340947 Mus musculus molossinus DNA, clone:MSW01-134C16.T7, genomic survey
DEFINITION
ACCESSION AG340947
VERSION AG340947.1 GI:47914257

```

```

KEYWORDS
SOURCE GSS.
ORGANISM Mus musculus molossinus (Japanese wild mouse)
REFERENCE
AUTHORS Abe, K., Noguchi, H., Tagawa, K., Yuzurika, M., Toyoda, A., Kojima, T.,
Ezawa, K., Saitou, N., Hattori, M., Sakaki, Y., Moriwaiki, K. and
Shiroishi, T.
TITLE Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to
genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end
sequence-SNP analysis
JOURNAL Genome Res. 14 (12), 2439-2447 (2004)
PUBMED 15574823
REFERENCE
AUTHORS Hattori, M., Toyoda, A., Noguchi, H., Kojima, T. and Sakaki, Y.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical
and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC);
1-7-22 Suehiro-chou, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan
(B-mail:hattori@sc.riken.jp, URL:htp://hnp.gsc.riken.go.jp/,
Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)
COMMENT Clones are derived from the mouse BAC library MSW01. For BAC
library availability, please contact Kuniya Abe (abe@rtc.riken.jp).
Taishiba Institute, Bio Resource Center
The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1
Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
e-mail: abe@rtc.riken.jp
PRIMERS
Sequencing : T7
LIBRARY
Vector : pBACe3.6
R.Site 1 : EcoRI
R.Site 2 : EcoRI.
FEATURES
source location/Qualifiers
1..1539
/organism="Mus musculus molossinus"
/mol_type="genomic DNA"
/db_species="molossinus"
/db_xref="taxon:57486"
/clone="MSW01-134C16.T7"
/sex="male"
/tissue_type="mixture of kidney and spleen"
/clone_id="MSW01 Mouse Male BAC Library"
ORIGIN
Query Match 4.3%; Score 90; DB 10; Length 1539;
Best Local Similarity 42.2%; Pred. No. 1.8e-06;
Matches 603; Conservative 0; Mismatches 822; Indels 5; Gaps 4;
QY 636 AGATGACTATTATTAACCTTTAAAGAAAATATACCTAATATATAGTACTATTGCAAA 695
Db 1528 ATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1469
QY 696 TACCTATAGAGAGAGACTAATTAACCTTGAAAAGAACTTAATATAGATGAGATATTT 755
Db 1468 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1409
QY 756 TAATGATTAATGAAGATATATGACTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 815
Db 1408 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1349
QY 816 TTATGATTAATGAAGATACAAAGATTCATAA-GGAGATAGTGGCAATTAATTAATTA 874
Db 1348 TATAGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1289
QY 875 TTCAAGAGAAATTTATACAACTGAATTAATTTTGAACCGCTTACTTACCTGAATTC 934
Db 1288 GTATTAATTAATTAATTTATAGAGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1229
QY 935 AACCAATCTCGCTATATAGATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTCAT 994

```

[illegible][illegible]

[illegible][illegible]


```

Qy 815 TTATGATATTAAGATACAAAGATTCATATGAGAGATAGTGGCATTTAAAC 874
Db 373 TTTAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 432
Qy 875 TTACAGAGAAATTTATCACTGAAATTAATTTGACCGTCTTACCTTGAATTC 934
Db 433 AAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 492
Qy 935 AACCAATCTGCTATATGAAATTAATTTTACACGTCGAGGCTTGATTTTCAT 994
Db 493 AAAAAAAGCAAAAAAACAATTTTGTGAGAGGAGAAAAA 552
Qy 995 TTTAGATGAACTTATATTTATACAAAAATGAAACGAGGGAATGTTAGTGGTA 1054
Db 553 AAAAAAACCATTTTATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 612
Qy 1055 TTGGAATCGTATATGATCTATATGCTACAGACAGAACTGAAATTAATATGAGAAA 1114
Db 613 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 672
Qy 1115 GAACAGGTCACCCACAAACAAACTTATATCCATTGATCCATTAAGTTCAATTC 1174
Db 673 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 732
Qy 1175 TAACGATGACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1234
Db 733 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 788
Qy 1235 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1294
Db 789 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 848
Qy 1295 ATTTATCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1353
Db 849 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 908
Qy 1354 CCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1413
Db 909 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 968
Qy 1414 TTTCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1473
Db 969 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1028
Qy 1474 GCATTGATGACACACAGTATGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1533
Db 1029 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1088
Qy 1534 ACAATGATCCAGCAATCAAGTATGATCAAACTGATGAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1593
Db 1089 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1148
Qy 1594 CCGTGTATACAGAGAACTTGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1653
Db 1149 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1208
Qy 1654 TGTAGACTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1713
Db 1209 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1268
Qy 1714 GCTGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1773
Db 1269 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1328
Qy 1774 CAACGACTCAACACTTTTCTGTACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1833
Db 1329 TAGAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1378
Qy 1834 GGGTATTTTCAATTTTCAAGTACAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1892
Db 1379 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1438
Qy 1893 ATTTAATGATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1952

```

```

Db 1439 AAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1498
Qy 1953 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2012
Db 1499 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1558
Qy 2013 AATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2061
Db 1559 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1607

```

RESULT 9

AG350139/c

```

LOCUS 1489 bp DNA linear GSS 18-DEC-2004
DEFINITION Mus musculus molossinus DNA, clone:MSMg01-146K14.TU, genomic survey
sequence.
ACCESSION AG350139
VERSION AG350139
KEYWORDS GSS.
SOURCE Mus musculus molossinus (Japanese wild mouse)
ORGANISM Mus musculus molossinus
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;
Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.

```

REFERENCE

AUTHORS

TITLE

```

JOURNAL Mus musculus molossinus to
PUBMED 1574823
REFERENCE 2 (bases 1 to 1489)
AUTHORS Hattori,M., Toyoda,A., Noguchi,H., Kojima,T. and Sakaki,Y.
JOURNAL Direct Submission
Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical
and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC),
1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan
(Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)
E-mail:hattori@gsc.riken.jp, URL:http://npg.gsc.riken.go.jp/
Clones are derived from the mouse BAC library MSMg01. For BAC
library availability, please contact Kuniya Abe (abe@rtc.riken.jp).
Teikoku Institute, Bio Resource Center,
The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1
Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
e-mail: abe@rtc.riken.jp

```

COMMENT

```

PRIMERS
Sequencing : TU
LIBRARY
Vector : pBACe3.6
R.Site 1 : EcoRI
R.Site 2 : EcoRI.

```

FEATURES

source

```

1..1489 Location/Qualifiers
    /organism="Mus musculus molossinus"
    /mol_type="genomic DNA"
    /sub_species="molossinus"
    /db_xref="taxon:57486"
    /clone="MSMg01-146K14.TU"
    /sex="male"
    /tissue_type="mixture of kidney and spleen"
    /clone_id="MSMg01 Mouse Male BAC library"

```

ORIGIN

```

Query Match 4.2% Score 88.4; DB 10; Length 1489;
Best Local Similarity 43.4%; Pred.No.3.5e-06;
Matches 605; Conservative 0; Mismatches 769; Indels 20; Gaps 4;
656 TAAAGAAATATATCTTAATATATGATTAATTTGCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 715

```

1487	TATAATATATATAAATAGTGTATATATATTAATTAATTTATATATAATAATTAATTAATGATATAT	1428
QY	ATTAACCTTGGAAACGACCACTTAATATGAGATGCGATATTTATATGATTATCGAAGATATA	775
Db	AAATTAATATATATTAATATGATATATTAATAATATATATATATATATATATATATATTA	1368
QY	776 TGACTATTACGATAGTATAGTATCTATGCGCAATTTCTTTTATGATATTAAGATATCA	835
Db	1367 TTATTATTATATATAGTAT	1308
QY	836 AAGATTCAATGGAAGATAGGTGCAT - TAAAACGAACTTACAGAGAAATTTATAC	893
Db	1307 AATATATATATATAGAAATTAATATATATATATATATATATATATATATATATATAT	1248
QY	894 AACTGAAATTAATTTTGAACCGCTTACTTACCTTGAATTCACCCAACTCGCTATAT	953
Db	1247 TTTAATTTAAATTTAGTAAATTTATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAT	1188
QY	954 GGAATATATATTAACAGTCGAGGCGCTAGATATTTCAATTTTATGATGAAGTATAT	1013
Db	1187 AATTAT	1128
QY	1014 TTATACAAAAATGGAAGTACGGAACTGTTAGTGTATTCGGAATCGTAATATATC	1073
Db	1127 TAATTAT	1068
QY	1074 TACTTATGTCAGCAGACGAACTGAAATATATATATGAGAAAGACAGCTCCACCAAC	1133
Db	1067 AAAT	1008
QY	1134 AAAAACTTAAATACATTTGAATCCTATTAAGCTTCAATGTGAATCGATAGCAAGTAC	1193
Db	1007 AAATTTAAATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	949
QY	1194 TCCCTACTTCCCTTCCATCATATCTTTCATTAATCAATATCAATTTGAACTTATTTAA	1253
Db	948 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	889
QY	1254 TAATTCACCTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATAAAA	1313
Db	888 ATATATATATTAATTTATATATATATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	829
QY	1314 AACAATCGATTTCAATTTCCGTGTAATAAAGACGTAAACCAATATTAATCCAAATG	1373
Db	828 TATATATTAATTAATTTATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	769
QY	1374 TTTCACAGCTTAATATAGTTATAGTCATATTTATCCAGTTTCTTATTTATTTATTC	1433
Db	768 TTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	709
QY	1434 CTATAAAATGGATTAGCGCTAAATATATATATATACAGGTGATTAGATGACACAG	1493
Db	708 ATATATAATTTAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	665
QY	1494 TAGCTTTAATAGAAATTAATGCAATATCAGATTAATAATTAATTAATGATCCAGCAATCA	1553
Db	664 TAATTTAAATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	605
QY	1554 AGGTACAGCTTGTGATACAACTTAAGATTAAGAAGACCTGCTCATACGAGGAA	1613
Db	604 TAATTTATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	545
QY	1614 CTGTGTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTATAGATTAATCATGTAGACCTCTAATCTAC	1673
Db	544 ATATATATATATATATATATATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	485
QY	1674 ACAATCTTATTAATTAAGCTTGATAGGCTTACAAATGCTGGAATACTCTTCTTA	1733
Db	484 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	425
QY	1734 TATATCTCTTAACAATCCAGAGTATATGGAATTAACCACTCAAGACTCAACAACCTT	1793
Db	424 TATTAATTTAAAAAATTTAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	365

[illegible]

RESULT 10	CNS010MP	LOCUS	DEFINITION
CNS010MP	734 bp	DNA	linear
Drosophila melanogaster genome survey sequence T7 end of BAC BAC004120 of DrosBAC library from Drosophila melanogaster (fruit fly), genomic survey sequence.			GSS 26-JUL-1999

ACCESSION	AL099163
VERSION	AL099163.1
KEYWORDS	GI:561074
SOURCE	GSS.
ORGANISM	Drosophila melanogaster (fruit fly)
	Drosophila melanogaster

REFERENCE
1 (bases 1 to 734)

REFERENCE	AUTHORS	TITLE	JOURNAL	COMMENT
1 (bases 1 to 734)		Genoscope.		
		Direct Submission		
		Submitted (22-JUL-1999)	Genoscope - Centre National de Sequencage :	
		BP 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr		
		- Web : www.genoscope.cns.fr		
		Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a		

COMMENT

Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a collaboration with the European Drosophila Genome Project (EDGP) - <http://www.edgp.ebi.ac.uk> . This *Drosophila melanogaster* BAC library (Dros BAC) was made by Alain Billard at CEPR (Centre d'Etude du Polymorphisme Humain) with funding provided by a MRC project grant . The DNA was prepared from embryos by Alain Bucheton and Genevieve Payan . It has been constructed in the vector pBeloBAC11 .

```
FEATURES
    source
        location/Qualifiers
            1..734
                /organism="Drosophila_melanogaster"
                /mol_type="genomic DNA"
                /db_xref="taxon:7227"
                /clone="BACN04L20"
                /clone_id="DrosBAC"
                /plasmid="DbeloBAC11"
                /note="end : 77"
```

ORIGIN			
Query Match	4.2%	Score 87.2	DB 10; Length 734;
Best Local Similarity	34.9%	Prod. No. 5.9e-06;	
Matches 248; Conservative 111;		Indels 10; Gaps 1;	

QY 1250 TAAATATTCCACCTAGTATAAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTATGATA 1309

Db	9	TACANTACTCAMAATATNNMMA	CGTAAAAAAATTTATAAAAA	AAWAMATATTTATATAMTTA	68
Qy	1310	AAAAAACCACTGATTTTCAATTTCTG	TAAAAAAGACTGTAAACCAATTATTA	TATCCAA	1368

Db 69 TATATAATWATWAAAAAAMTTCGAATTMMAAAAAAMWAAAMWTAMHMAAATAATTWA 128

QY	Db	435	AAAAATTTAAAAA	AAAAAATTTAAAAA	AAAAAATTTAAATATATATATTTAA	376
QY	1914	AAATTCATTTTAAATCATTTGA	TAATAATTTGAATTTTACCAATTA	CTCTCCTGTACGCCA	1973	375
Db	375	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	AAAAAAAAATTAATAATAATAATAATAATA	TAATAATTTATA	316	
QY	1974	AAATGAGAAAAACAAAAATTTGA	ACTATCCAAACAAAAATTAATTA	CTTTTTCACAAA	2033	
Db	315	AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	TTAAATTAATTTAAATAATAATAATAATAATA	TTATATATAAAAA	256	
QY	2034	TCATACAAAAAAATTA	CTTTAAATATGAAAGCCAA	CAACTATGATTTGATT	2083	
Db	255	TTTATAAAAAAATTA	TAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	TTAATTAATTAATTAATTT	206	
RESULT 12						
CNS00EVL		1101 bp	DNA	linear	GSS 04-JUN-1999	
LOCUS		Drosophila melanogaster genome survey sequence T7 end of BAC:				
DEFINITION		BAC229823 of RPCI-98 library from Drosophila melanogaster (fruit fly), genomic survey sequence.				
ACCESSION		AL069706				
VERSION		AL069706.1				
KEYWORDS		GSS.				
SOURCE		Drosophila melanogaster (fruit fly)				
ORGANISM		Drosophila melanogaster				
REFERENCE		Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Peerygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha; Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.				
AUTHORS		1 (bases 1 to 1101)				
TITLE		Genoscope.				
JOURNAL		Direct Submission				
COMMENT		Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage : BP 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : segre@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)				
		determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP). The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila melanogaster genome using these BACs. For further information please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila melanogaster BAC library was prepared by Kazuo Oosawa and Aaron Mamoser in Pieter de Jong's laboratory in the Department of Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo, NY. The library is named RPCI-98 and was constructed by partial EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's pl and EST libraries. A more detailed description of the library and how to order individual BAC clones, the entire library, or filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm .				
FEATURES		location/Qualifiers				
source		1..1101				
		/organism="Drosophila melanogaster"				
		/mol_type="genomic DNA"				
		/db_xref="taxon:7227"				
		/clone="BACR29823"				
		/clone_1ib="RPCI-98"				
		/note="end : 77"				
ORIGIN						
Query Match		4.1%;	Score 86;	DB 10;	Length 1101;	
Best Local Similarity		34.5%;	Pred. No. 9.9e-06;			
Matches 220;		Conservative 106;	Mismatches 311;	Indels 1;	Gaps 1;	
QY	875	TTACAAGAAATTTATTCACGAAATTAATTTTGACCGCTTACTACCTGAAATTC	934			
Db	463	TTAAAAAAATTAATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATTT	522			
QY	935	AACCAATCTCCCTTAATGATGAATTTAATTTAACACGTTACAGGGCTTATGATTTAT	994			
Db	523	WTTTAAATTTATTAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAATA	582			
QY	995	TTTATGATGAATTTATTTATACAAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTTATGTTGTA	1054			

Db	LOCUS	DEFINITION	ACCESSION	VERSION	KEYWORDS	SOURCE	ORGANISM	REFERENCE	AUTHORS	TITLE	JOURNAL	PUBMED	COMMENT
Db	CG754863/c	CG754863 LOCUS DEFINITION genomic survey sequence.	CG754863	CG754863	CG754863.1	GI:37980782	GSS. Pristionchus pacificus Pristionchus pacificus Eukaryota; Metazoa; Nematoda; Chromadorea; Diplogasterida; Neodiplogasteridae; Pristionchus.	1 (bases 1 to 1391)	Srinivasan,U., Sinz,W., Joesse,T., Wiggers-Derebolte,L., Jansen,K., Buntjer,U., van der Meulen,M. and Sommer,R.J.	An integrated physical and genetic map of the nematode Pristionchus pacificus	Mol. Genet. Genomics 269 (5), 715-722 (2003)	12884007	Contact: Sommer RJ Evolutionary Biology Max-Planck-Institute for Developmental Biology Spemannstr. 37-39, Tuebingen D-72076, Germany Tel.: 00497071601371 Fax: 00497071601498 Email: ralf.sommer@uebingen.mpg.de Class: BAC ends.
FEATURES	source	location/Qualifiers	1..1391	/organism="Pristionchus pacificus"	/mol_type="genomic DNA"	/strain="California"	/db_xref="taxon:54126"	/clone_lib="Ppa Ecori BAC Library"	/note="The library was generated by a partial digest of the genomic DNA with EcoRI and cloning into the BAC vector."				

371
360

3

Abstract

[illegible]

RESULT 15					
LOCUS	AG279272/c				
DEFINITION	AG279272	2270 bp	DNA	linear	GSS 18-DEC-2004
	Mus musculus molossinus DNA, clone:MSM901-050A24.TU, genomic survey sequence.				
ACCESSION	AG279272				
VERSION	AG279272.1	GI:47852149			
KEYWORDS	GSS.				
SOURCE	Mus musculus molossinus (Japanese wild mouse)				
ORGANISM	Mus musculus molossinus				
	Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.				
REFERENCE	1				
AUTHORS	Abe,K., Noguchi,H., Tagawa,K., Yuzurira,M., Toyoda,A., Kojima,T., Ezawa,K., Saitou,N., Hattori,M., Sakaki,Y., Moriwaiki,K. and Shirotshi,T.				
TITLE	Contribution of Asian mouse subspecies Mus musculus molossinus to genomic constitution of strain C57BL/6J, as defined by BAC-end sequence-SNP analysis				
JOURNAL	Genome Res.	14 (12),	2439-2447	(2004)	
PUBMED	15574823				
REFERENCE	2 (bases 1 to 2270)				
AUTHORS	Hattori,M., Toyoda,A., Noguchi,H., Kojima,T. and Sakaki,Y.				
TITLE	Direct Submission				
JOURNAL	Submitted (17-NOV-2003) Maahira Hattori, The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC); 1-7-22 Suehiro-chou,Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa, 230-0045, Japan (E-mail:hattori@gsc.riken.jp, URL:http://hgp.gsc.riken.go.jp/, Tel:-81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)				
COMMENT	C clones are derived from the mouse BAC library MSM901. For BAC library availability, please contact Kunihisa Abe (abe@crc.riken.jp).				
	The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1 Tsukuba Institute, Bio Resource Center,				

```

FEATURES
  source
    Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
    phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
    e-mail: abe@rtc.riken.jp
  PRIMERS
    Sequencing : TU
    LIBRARY
    Vector      : pBACe3.6
    R.Site 1    : EcoRI
    R.Site 2    : EcoRI
    Location/Qualifiers
      1..2270
        /organism="Mus musculus molossinus"
        /mol_type="genomic DNA"
        /sub_species="molossinus"
        /db_xref="taxon:57486"
        /clone="MSMG01-050A24.TU"
        /sex="male"
        /tissue_type="mixture of kidney and spleen"
        /clone_id="MSMG01 Mouse Male BAC Library"

```

ORIGIN

Query Match	4.1%;	Score 84.6;	DB 10;	Length 2270;
Best Local Similarity	42.7%;	Pred. No. 1.8e-05;		
Matches 650; Conservative	0;	Mismatches 869;	Indels 5;	Gaps 4;

Qy	549	AAATTTTTCACAAAGAGTGGTAATTGGCTGAGTAAGTAATGGAATCAGATTAATACCTTTC	608
Db	1971	AAACATTATATATATTAATAATGATATGATATTAATAATGGAATATTAAGATATTTTGATATATTA	1912
Qy	609	ACAAATTGAACCTATATGCTGGACATCATGATGACTATATTAACCTTTTAAAAAGAAATAT	668
Db	1911	ATATAAAAAAGTAACTATATTAAGAAAAAGAAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1852
Qy	669	ACCTAAATATATGTAATGTTGCAAAATACCTATATAGAGAGAGCTAAATTAACCTCGAAT	728
Db	1851	TGAATTAATATAAAAAATTAATTAATTAAGATATGAAATTAATATATAGAAATTAATTAATAT	1792
Qy	729	CGAACCTAATATGAGATGAGATATATTTAATGATTAATCGAATATATATGACTATTAATCTG	788
Db	1791	AAATTAATTAATAAAAAAGAAAAAGAAAAAAATTAATATAGAAAAATTAATATAGATTA	1732
Qy	789	ATTAGATATCTATGCTCATTTTCTTTTATGATATTAAGATATTAAGATATCAAGATTCGATAG	848
Db	1731	ATATATTAATATATGTTTGGATATTAAGTATATTAATTAATATATTTTAAATTAATTAATTA	1672
Qy	849	AAGATATGTTGGCATTAATACTGAACCTTACAAGAAATTTATACACTGAATTAATTT	908
Db	1671	ATATAAATTAATAAAACATTAATAATTAATAATTAATAAAATTAATTAATTAATTAATTAAT	1612
Qy	909	TGACCGCTTACTTACCTGAAATTCACCCGATCTGCTATTAATGAAATTAATTTAAC	968
Db	1611	AAAAAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG	1552
Qy	969	ACGTTCAAGGCTTATGATTAATTTTATTTTATGATGATCACTTAATTTTATCAAAAAATGA	1028
Db	1552	AATATATATTAATTAATAATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG	1492
Qy	1029	AACGTACGGGATCGTTTATGTTGGTATTCGAACTGATATGATCTACTTATGCTACGAC	1088
Db	1492	TATTAATTAATTAATTAATAAAGAAAAAATTAATTAATAAAGAAAAAATGAATATATAGCA	1432
Qy	1089	AGGAACCT - GAAATTAATATATGAGAAAGAACAGGTCCACCCACAACAAAACTTTATTA	1148
Db	1432	AAATTAATTAATAATTAATTAATTAATAATTAATAATTAATAATTAATAATTAATAATTA	1372
Qy	1147	CGAATTTGAATCTTAATAAGTTCAATTGTAACTGATAGCAAGTAACCTCACTTCCCT	1208
Db	1372	AAATTAATGAAATTAATTAATAACAATTAAGAAATTAAGATTAATAAATTAATTAATTA	1312
Qy	1207	TTTCTCAACATATCTTACAAATTAATCAATTTGAATTTTATTAATTAATTCACCTAGT	1268
Db	1312	TTTATATTAATGATTAATAATTAATTAATTAATAATTAATTAATAATTAATAATTAATTAAT	1252

17. 12. 1971

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 21, 2005, 11:32:30 ; Search time 10439.5 Seconds
(without alignments)
11352.922 Million cell updates/sec

Title: US-10-782-570-3

Perfect score: 2085
Sequence: 1 atgtgtcaagsgaatcacac.....caactatgatattgattaa 2085

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 5883141 seqs, 28421725653 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 11766282

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl:*
1: gb_ba:*
2: gb_in:*
3: gb_env:*
4: gb_cm:*
5: gb_ov:*
6: gb_pat:*
7: gb_ph:*
8: gb_dr:*
9: gb_to:*
10: gb_str:*
11: gb_sy:*
12: gb_un:*
13: gb_vi:*
14: gb_hlg:*
15: gb_pl:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Length	DB ID	Description
1	2085	100.0	2085	CQ868309 Sequence
2	2085	100.0	2235	CQ868307 Sequence
3	1794.4	86.1	2208	CQ868305 Sequence
4	334.6	16.0	3543	BTTQXD1
5	334.6	16.0	4253	BACISRH4
6	334.6	16.0	4451	108083
7	334.6	16.0	4451	109103
8	334.6	16.0	4934	E01676
9	334.6	16.0	127923	BTBTOXIS
10	221.8	10.6	6009	BTBTOXIS
11	202.8	9.7	434	DO078744
12	190.8	9.2	4959	AF285775
13	180.4	8.7	3752	AB125059
14	170	8.2	3642	AB193814
15	161.2	7.7	4896	AF132928
16	159.6	7.7	127923	BTBTOXIS
17	158	7.6	3753	BACMSQB
18	146.6	7.0	3756	E00614

19	144	6.9	3644	1	BTH251978
20	117	5.6	15548	6	AX347057
21	112.4	5.4	1993	6	103578
22	105.8	5.1	133877	14	AC120883
23	100.6	4.8	3535	6	106096
24	100.6	4.8	3684	1	BTTQXD
25	100.6	4.8	3684	1	BTTQXD2
26	100.6	4.8	3684	1	108884
27	99.4	4.8	1728	6	103580
28	99.4	4.8	178670	8	AC104073
29	99.2	4.8	349980	6	AX344555
30	99	4.7	4186	1	BACISRH3
31	99	4.7	4186	6	E01905
32	98.2	4.7	72243	8	AL731858
33	97.8	4.7	3535	6	E01029
34	97.8	4.7	4036	1	BACRID2
35	96.8	4.6	254050	2	PFA929358
36	96	4.6	104992	14	AC005504
37	96	4.6	169546	14	AC004157
38	96	4.6	176898	8	AC117569
39	96	4.6	250421	2	AE014849
40	95	4.6	3668	1	D88361
41	94.4	4.5	110000	14	PFMALBP1_05
42	93.6	4.5	8056	6	AX599046
43	93.6	4.5	348174	2	CR382399
44	92.6	4.4	3507	1	BTU04365
45	92.6	4.4	3507	6	125972

ALIGNMENTS

RESULT 1
LOCUS CQ868309
DEFINITION Sequence 10 from Patent WO2004074462.
ACCESSION CQ868309
VERSION CQ868309.1 GI:51998355
KEYWORDS
SOURCE Bacillus thuringiensis
ORGANISM Bacillus thuringiensis
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.

REFERENCE 1
AUTHORS Carozzi,N., Hargies,T., Koziel,M.G., Duck,N.B. and Carr,B.
TITLE Delta-endotoxin genes and methods for their use
JOURNAL Patent: WO 2004074462-A 10 02-SEP-2004;
Athenix Corporation (US)

FEATURES
source
location/Qualifiers
1..2085
/organism="Bacillus thuringiensis"
/mol_type="unassigned DNA"
/db_xref="taxon:1428"
1..2085
/note="unassigned protein product"

CDS

/codon_start=1
/transl_table=11
/protein_id="CAH3950.1"
/db_xref="GI:51998356"
/translation="MCGNTQYGDNFETPASADTIAVSAAGTIVSGTLAGIGLTSI
SGPTGIGATIIISGTLITVFWPAGBDKVTWQIFMGSEIFVDTPTLSTKOLQOT
LBSGROQLQSYNRALDMDWRKRLQAGLPPSSALQQAALTKRFRVNDPFRLEP
GFOLETKYTLPLVADANFHLNLQQAALBENADHPGQIEPNAGISDYDK
LKENIPKYSYCANFYREGINKRNEEMWSLENDYRRYMTIVLDTIAQFSFYDK
RYDQSIGRIGIKTELRELYTEINERDLTYLEIQNLAIMENLRLSGRLRFSFLD
ELIFYKNEYTGRLVGIANRSTVATTEIILYGBRTGPTKTLIDPFSYVSIY
TDRQVTPSPENIYFTINOIEIYLNNSPKNLTVSGNLSPNDKTTDQFPVKQC
KPIINPCLPSYNSHIILSOFGLFNYSYKIGALNLTLYGALGMDTSSSVNRNATSD
KIITMRAIKGNSLDITNSKTEBEGHCGMLVYQSGRLRITRTNSQSYTRLR
YATNAGNTLPNLSLTIPVIGLPPORLNTFSGTNNNQYGDGFGFQPPSVTLPL
NRNIPFIENRADVNSILIIDKIEFIDITSSVRQNRKOKLETIQTINTEFTMHTN
TLNEATNVIDID"

ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 2085; DB 6; Length 2085;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.5e-271;
 Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 1 ATGTGCAAGGGAATACCAATATGGTGAATTTGGAGACATTGGTAGTGTGATACA 60
DB 1 ATGTGCAAGGGAATACCAATATGGTGAATTTGGAGACATTGGTAGTGTGATACA 60
QY 61 ATTGCTGAGTTAGTGAAGTACTAATTTGATCCGGTACTGTATAGCCGGTATAGGTGG 120
DB 61 ATTGCTGAGTTAGTGAAGTACTAATTTGATCCGGTACTGTATAGCCGGTATAGGTGG 120
QY 121 CTCGACTTCTATATCCGGACCGATAGAGAAATATAGTGTCTAATTAATCTTTGGTACC 180
DB 121 CTCGACTTCTATATCCGGACCGATAGAGAAATATAGTGTGTATTAATATCTTTGGTACC 180
QY 181 CTAAATCACTGTCTTTGGCCCCGGGGAGAACAGACAAACAGTATGACACAAATTTAT 240
DB 181 CTAAATCACTGTCTTTGGCCCCGGGGAGAACAGACAAACAGTATGACACAAATTTAT 240
QY 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACGTTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTA 300
DB 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGTATACACGTTAACAGAAAGCATTAACAGCTAAAGTTA 300
QY 301 CAAACTTTAGAGATTTTATAGACAAATATTAACAAAGCTATTAATACAGCATTGATGAT 360
DB 301 CAAACTTTAGAGATTTTATAGACAAATATTAACAAAGCTATTAATACAGCATTGATGAT 360
QY 361 AGAAATTTAAAAAGATCAACAGCTCCTGATTAACACATCATCAAGATTACAACAGCT 420
DB 361 AGAAATTTAAAAAGATCAACAGCTCCTGATTAACACATCATCAAGATTACAACAGCT 420
QY 421 GCCTTGACTCTTAAATATACATTTGAGATGTTCAACAATGATTTTATGGAGAAATACCT 480
DB 421 GCCTTGACTCTTAAATATACATTTGAGATGTTCAACAATGATTTTATGGAGAAATACCT 480
QY 481 GGTTCGAACTTGAAACTTATTAACCGCTATTACTAATTTATATGCGAAGCTGCTAAT 540
DB 481 GGTTCGAACTTGAAACTTATTAACCGCTATTACTAATTTATATGCGAAGCTGCTAAT 540
QY 541 TTTTCATTTAAATTTATTAACAACAGTGTGCAATTTGGCTGATGATGGAATGCAATATA 600
DB 541 TTTTCATTTAAATTTATTAACAACAGTGTGCAATTTGGCTGATGATGGAATGCAATATA 600
QY 601 CATCCTTCAACAATTTGAACCTAATGCTGAACATCAGATGACTATTAACCTTTTAAA 660
DB 601 CATCCTTCAACAATTTGAACCTAATGCTGAACATCAGATGACTATTAACCTTTTAAA 660
QY 661 GAAATATATACCTAATATATAGTAATTTGTGCAAACTTAAGAGAGACTTAATATAA 720
DB 661 GAAATATATACCTAATATATAGTAATTTGTGCAAACTTAAGAGAGACTTAATATAA 720
QY 721 CTTCGAAACGAACTTAATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGCAATATATGACT 780
DB 721 CTTCGAAACGAACTTAATATGAGATGAGATATTTAATGATTAATGCAATATATGACT 780
QY 781 ATTACTGATTAATGATTAATGATCGCTCAATTTTCTTTATATGATTAATGAGATCAAGAT 840
DB 781 ATTACTGATTAATGATTAATGATCGCTCAATTTTCTTTATATGATTAATGAGATCAAGAT 840
QY 841 TCAATAGGAAGAAATAGTGTGCAATTAACCTTAACAAGAGAAATTTATACAACAGTAA 900
DB 841 TCAATAGGAAGAAATAGTGTGCAATTAACCTTAACAAGAGAAATTTATACAACAGTAA 900
QY 901 ATAAATTTTACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCAATCTCGCTATATATGAAATAT 960
DB 901 ATAAATTTTACCGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCAATCTCGCTATATATGAAATAT 960
QY 961 AATTTAACAAGTTCAGGGCTTAGTTATTTTCAATTTTATAGATGAACCTTAATTTTATACA 1020
DB 961 AATTTAACAAGTTCAGGGCTTAGTTATTTTCAATTTTATAGATGAACCTTAATTTTATACA 1020

```

```

QY 1021 AAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTAGTGGTATTCGAAATCGTAAATAGATCTAAT 1080
DB 1021 AAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTAGTGGTATTCGAAATCGTAAATAGATCTAAT 1080
QY 1081 GCTACGACGGAACCTGAATTTATATGAGAAAGAAACGGTCCACCCCAACAAAACT 1140
DB 1081 GCTACGACGGAACCTGAATTTATATGAGAAAGAAACGGTCCACCCCAACAAAACT 1140
QY 1141 TTAATACATTTGAATCTATTAAGTTTCAATTTGTATCGATAGACAAATTAATCTACT 1200
DB 1141 TTAATACATTTGAATCTATTAAGTTTCAATTTGTATCGATAGACAAATTAATCTACT 1200
QY 1201 TCCCTTTTCTTAACATATATCTTTAACAATTAATCAATTTAATTAATTAATTA 1260
DB 1201 TCCCTTTTCTTAACATATATCTTTAACAATTAATCAATTTAATTAATTAATTAATTA 1260
QY 1261 CCTAGTAATTAATTAATCAATTTACGTGGGGGAATTTATTAATGATTAATTAATTA 1320
DB 1261 CCTAGTAATTAATTAATCAATTTACGTGGGGGAATTTATTAATGATTAATTAATTA 1320
QY 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTAAACCAATTAATTAATCAATTTGTTACCA 1380
DB 1321 GATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTAAACCAATTAATTAATCAATTTGTTACCA 1380
QY 1381 AGCTAATATATATATATATATATTTTATCCAGTTTCTTTATTAATTAATTTCTATA 1440
DB 1381 AGCTAATATATATATATATATATTTTATCCAGTTTCTTTATTAATTAATTTCTATA 1440
QY 1441 ATTGATTTAGCGCTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1500
DB 1441 ATTGATTTAGCGCTAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1500
QY 1501 AATAGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1560
DB 1501 AATAGAAATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1560
QY 1561 AGTCTTGATACAACTCTAAGGTAATTTGAAGACCTGTCTATACAGAGAGAACTTTGGT 1620
DB 1561 AGTCTTGATACAACTCTAAGGTAATTTGAAGACCTGTCTATACAGAGAGAACTTTGGT 1620
QY 1621 TATTTTCAAAAGTCAGAGGGGTTTGAAGATTAATATGTAAGAACTCTTAATTTTCA 1680
DB 1621 TATTTTCAAAAGTCAGAGGGGTTTGAAGATTAATATGTAAGAACTCTTAATTTTCA 1680
QY 1681 TATTTACATTTAGACTTGATACGCTAACAATGAGTGTGGAATATCTTCTTAATATAT 1740
DB 1681 TATTTACATTTAGACTTGATACGCTAACAATGAGTGTGGAATATCTTCTTAATATAT 1740
QY 1741 CTTCACATATACAGAGATTAATGAGATTAACCACTCAACGACTCAACAACTTTTCTGG 1800
DB 1741 CTTCACATATACAGAGATTAATGAGATTAACCACTCAACGACTCAACAACTTTTCTGG 1800
QY 1801 ACAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860
DB 1801 ACAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1860
QY 1861 ACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1920
DB 1861 ACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1920
QY 1921 ATTTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980
DB 1921 ATTTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1980
QY 1981 GAAAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040
DB 1981 GAAAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2040
QY 2041 AAAATATCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085
DB 2041 AAAATATCTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085

```

```

RESULT 2
LOCUS      CO868307
DEFINITION Sequence 8 from Patent WO2004074462.
ACCESSION  CO868307
VERSION     CO868307.1  GI:51998353
KEYWORDS    Bacillus thuringiensis
SOURCE      Bacillus thuringiensis
ORGANISM    Bacillus thuringiensis
            Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
            cereus group.

REFERENCE  1
AUTHORS    Carozzi N., Hargiss, T., Koziel, M.G., Duck, N.B. and Carr, B.
TITLE       Delta-endotoxin genes and methods for their use
JOURNAL     Patent: WO 2004074462-A 8 02-SEP-2004;
            Athenix Corporation (US)
FEATURES    source
            1..2235
             /organism="Bacillus thuringiensis"
             /mol_type="unassigned DNA"
             /db_xref="taxon:1428"
             1..2235
             /note="unnamed protein product"
             /codon_start=1
             /protein_id="CAH3949.1"
             /db_xref="GI:51998354"
             /translation="MNQNNNEVEEIIIDSKLSTPSNENIDHSRYPTNNPNQPLQNTN
             /kewlmnqoqntoydneftasadtiaasagtiagtlaglgslsigsqilg
             /aaisfqltlvfwpagodkvtwtqfkmgeifvdpdlfsglqltlegbrll
             /osvntaldmbrklrloapglpssaloqalalkirpennvndfrieigfoletk
             /tllpityaoanphlnlloqageladewndihpsolpnapgsdvykllkxmpk
             /snycantyrbsglankrnpnrmsifndyrhymtllvldtiagsfydixkysier
             /igglkrlrelyteinfprlytleioplalmenvlrsghlfsfblblfvtyn
             /etygnrlvgianrnrsyvatgtbeiivgerpptytlpfpeskyisyvdrqvtp
             /speniyfttniolelylanspsnkltyasaginsndktdfpvpxkdkcipimpc
             /lpsnysshllsoelrpfnsykiglalnllytgalmgthsvnnnmslisdilimpa
             /iknslpntnsgiepghtgntvylloscrltctcpnsgtosyvirlyaynagacn
             /tlunrsitlrgviciipporlantnsgtrnnlloygdggyrqpsevtlplnrsiprf
             /nradvnsillidkiefipitssvnrnrekokettioqkintfptnhtkntleatn
             ydid"

ORIGIN
Query Match      100.0%; Score 2085; DB 6; Length 2235;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.5e-271;
Matches 2085; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 ATGTGCAAGGGAATACACATATGATGATATTTCCGACATTTGCTAGTGTGATACA 60
DB 151 ATGTGCAAGGGAATACACATATGATGATATTTCCGACATTTGCTAGTGTGATACA 210
QY 61 ATTGCTGAGTTAGTGAGGACTATGATATCCGGTACTCTGTTAGCCGGATAGTGG 120
DB 211 ATTGCTGAGTTAGTGAGGACTATGATATCCGGTACTCTGTTAGCCGGATAGTGG 270
QY 121 CTGACTCTATATCCGAGCGATAGGAATATAGTGTGATATTAATATCTTTTGGTACC 180
DB 271 CTGACTCTATATCCGAGCGATAGGAATATAGTGTGATATTAATATCTTTTGGTACC 330
QY 181 CTATACACTGCTCTTTGGCCCGCGGAGAAACAAGCAAAAAGTATGGAACAATTTATT 240
DB 331 CTATACACTGCTCTTTGGCCCGCGGAGAAACAAGCAAAAAGTATGGAACAATTTATT 390
QY 241 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACGGTTAAACAGAAAGCATPAAACAGCTAAAGTTA 300
DB 391 AAAATGGAGAAATTTTGTGATACACGGTTAAACAGAAAGCATPAAACAGCTAAAGTTA 450
QY 301 CAAACTTAGAAGATTAGCAAAATTTACAAAGCTATATACAGATTGAGATGG 360
DB 451 CAAACTTAGAAGATTAGCAAAATTTACAAAGCTATATACAGATTGAGATGG 510
QY 361 AGAAAATTAAGAACTACAAAGCTCTGATTTACCAACCATCATGACATTAACAAGCT 420

```

```

DB 511 AGAAAATTAAGAACTACAAAGCTCTGATTTACCAACCATCATGACATTAACAAGCT 570
QY 421 GCCTTGACTCTTAAATATGATATTTAGAAATGTTCAAGATGATTTATTTGGAATAACT 480
DB 571 GCCTTGACTCTTAAATATGATATTTAGAAATGTTCAAGATGATTTATTTGGAATAACT 630.
QY 481 GGTTCCAACTTGAACTTAAACGCTATTAACCTATTTTATGCGCAAGCTCTTAAT 540
DB 631 GGTTCCAACTTGAACTTAAACGCTATTAACCTATTTTATGCGCAAGCTCTTAAT 690
QY 541 TTTCAATTAATTTATTAACAACAAGTGTGAAATGGCTGATGATGAAATGCAATATA 600
DB 691 TTTCAATTAATTTATTAACAACAAGTGTGAAATGGCTGATGATGAAATGCAATATA 750
QY 601 CATCTTCAACAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATATTAATTAACCTTTAAA 660
DB 751 CATCTTCAACAATTTGAACCTAATGCTGGAACATCAGATGATATTAATTAACCTTTAAA 810
QY 661 GAAAATATACCTTAAATATGATATTTGCAAAATACCTATGAGAAAGCACTAAATAAA 720
DB 811 GAAAATATACCTTAAATATGATATTTGCAAAATACCTATGAGAAAGCACTAAATAAA 870
QY 721 CTTGAAAAGCAACCTAATATGAGATGAGATATTAATGATTAATGAAATATATGACT 780
DB 871 CTTGAAAAGCAACCTAATATGAGATGAGATATTAATGATTAATGAAATATATGACT 930
QY 781 ATTAAGTATTAATGATATTAATGCTCAATTTCTTTTATATATTAATTAAGATTAATAAGAT 840
DB 931 ATTAAGTATTAATGATATTAATGCTCAATTTCTTTTATATATTAATTAAGATTAATAAGAT 990
QY 841 TCAATAGGAAGAAATAGGTGGCAATTAATACTGAACCTTACAAGAAATTTATACAACCTGAA 900
DB 991 TCAATAGGAAGAAATAGGTGGCAATTAATACTGAACCTTACAAGAAATTTATACAACCTGAA 1050
QY 901 ATAAATTTGACCGCTCTTACTTACCTTGAATTCACCAATCTCGTATATAGTAAATAT 960
DB 1051 ATAAATTTGACCGCTCTTACTTACCTTGAATTCACCAATCTCGTATATAGTAAATAT 1110
QY 961 AATTTTACAGGTTCAAGGCTTATGATATTTTCAATTTTATGATGAACCTTATTTTATACA 1020
DB 1111 AATTTTACAGGTTCAAGGCTTATGATATTTTCAATTTTATGATGAACCTTATTTTATACA 1170
QY 1021 AAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTTGTGATTTGCAATCGTATATAGTACTTAT 1080
DB 1171 AAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTTGTGATTTGCAATCGTATATAGTACTTAT 1230
QY 1081 GCTACGACAGGAACCTGAATTTATATGAGAAAGAAACAGGTCCACCACAACAAAACCT 1140
DB 1231 GCTACGACAGGAACCTGAATTTATATGAGAAAGAAACAGGTCCACCACAACAAAACCT 1290
QY 1141 TTAATACATTTGAAATCTTAAAGTTTCAATGTATACTGATAGCAAGTACTCTTACT 1200
DB 1291 TTAATACATTTGAAATCTTAAAGTTTCAATGTATACTGATAGCAAGTACTCTTACT 1350
QY 1201 TCCCTCTTCTTAAACATATCTTAAACATTTAATCAATTTGAACCTTTTAAATATTTCA 1260
DB 1351 TCCCTCTTCTTAAACATATCTTAAACATTTAATCAATTTGAACCTTTTAAATATTTCA 1410
QY 1261 CTTAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1320
DB 1411 CTTAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1470
QY 1321 GATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGTAAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1380
DB 1471 GATTTTCAATTTCTGTAATAAAGACTGTAAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1530
QY 1381 AGCTATATATGATATGATATTTTATCCAGTTTCTTTATTTATTTATTTCTATTAATA 1440
DB 1531 AGCTATATATGATATGATATTTTATCCAGTTTCTTTATTTATTTATTTCTATTAATA 1500
QY 1441 ATTGATTAACGCTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1500
DB 1591 ATTGATTAACGCTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1650

```

Qy	1501	AATGAATATATGCAATATCGATPAAAATATATTCAAATGATCCGACGATCAAAAGTAC	1560
Db	1651	AATGAATATATGCAATATCGATPAAAATATATTCAAATGATCCGACGATCAAAAGTAC	1710
Qy	1561	AGTCCTGATACAAACTCTAAGGTAAATGAAAGACCTGGTCATACAGAGAAACTGGTT	1620
Db	1711	AGTCCTGATACAAACTCTAAGGTAAATGAAAGACCTGGTCATACAGAGAAACTGGTT	1770
Qy	1621	TATTTACAAAGTCAAAGGCGCTTTAGAGATTACATGTAGAACTCCTAATTTCAACAATCT	1680
Db	1771	TATTTACAAAGTCAAAGGCGCTTTAGAGATTACATGTAGAACTCCTAATTTCAACAATCT	1830
Qy	1681	TATTAACATTAGACTTCGATACGCTACAAATGSGTGTGAANAATCCTTCCTAATATATCT	1740
Db	1831	TATTAACATTAGACTTCGATACGCTACAAATGSGTGTGAANAATCCTTCCTAATATATCT	1890
Qy	1741	CTTAACAATACCAAGAGTAAATAGAAATACCACTCAACGACTCAACACTTTTCTGGT	1800
Db	1891	CTTAACAATACCAAGAGTAAATAGAAATACCACTCAACGACTCAACACTTTTCTGGT	1950
Qy	1801	ACAAATTAATATATTTATTCATATAGGAGATTTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAGTACGTA	1860
Db	1951	ACAAATTAATATATTTATTCATATAGGAGATTTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAGTACGTA	2010
Qy	1861	ACATTACCTTAAATCGAAACATACCAATTAATTTAATCGGAGATATTCAAATTC	1920
Db	2011	ACATTACCTTAAATCGAAACATACCAATTAATTTAATCGGAGATATTCAAATTC	2070
Qy	1921	ATTTTAATCATGTATAAATATTTAATATACCAATTACTTCCTCTGTATCGCCAAATATGA	1980
Db	2071	ATTTTAATCATGTATAAATATTTAATATACCAATTACTTCCTCTGTATCGCCAAATATGA	2130
Qy	1981	GAAGAAACAAAATATGAAACTATCCAAACAAAATTAATACATTTTTCACAAATCATACA	2040
Db	2131	GAAGAAACAAAATATGAAACTATCCAAACAAAATTAATACATTTTTCACAAATCATACA	2190
Qy	2041	AAAAATACCTTAAATATATGAAAGCCAAACATATGATATTTGATTA	2085
Db	2191	AAAAATACCTTAAATATATGAAAGCCAAACATATGATATTTGATTA	2235

LOCUS	2208 bp	DNA	linear	PAT 13-SEP-2004
DEFINITION	Sequence 6 from Patent WO2004074462.			
ACCESSION	CO868305			
VERSION	CO868305.1	GI:51998351		
KEYWORDS	.			
SOURCE	Bacillus thuringiensis			
ORGANISM	Bacillus thuringiensis Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.			
REFERENCE	1			
AUTHORS	Carozzi,N., Hargiss,T., Koziel,M.G., Duck,N.B. and Carr,B.			
TITLE	Delta-endotoxin genes and methods for their use			
JOURNAL	Patent: WO 2004074462-A 6 02-SEP-2004;			
FEATURES	Athenix Corporation (US) Location/Qualifiers			

```
source      1. .2208
            /organism="Bacillus thuringiensis"
            /mol_type="unassigned DNA"
            /db_xref="taxon:1428"
CDS         1. .2208
```

```

/note="unamed protein product"
/codon_start=1
/transl_table=1
/protein_id="CAH3948.1"
/db_xref="gi:51998352"
/translation="MNONNNNNYEIIDSHTSPYPPNNNSDSEPYNNNPNLOMT
NYKWLMMCOGNOYGDNPFETFSADTIAVSAQTIYSGTLAGIGELTISGPTGIIT
GALISFGLTIFWPAQGEOKIVQITKNGELFVDFIPLVHESIKQLQQLPEPQY
LQSTNTALDWRKLKRLQADPLPSSALQCAALTKLIRFENNVAQLIREIPLFQLEY

```

ORIGIN

Query Match	86.1%	Score 1794.4	DB 6	Length 2308
Best Local Similarity	92.7%	Pred. No. 1.9e-232		
Matches 1908; Conservative	0	Mismatches 141	Indels 9	Gaps 2

Qy	1	ATGTGCAAGGGAAATCACAAATATGTGTAATAATTGGACCATTTCTAGTGTCTATACA	60
Dd	154	ATGTGTCAGGGGAATCACAAATATGTGTAATAATTGGACCATTTCTAGTGTCTATACA	213
Qy	61	ATTGTGCAAGTATATGTCAGGTAATAATTTATCCGGTACTCTGTTAACCGGTATATAGTGGG	120
Dd	214	ATTGTGCAAGTATATGTCAGGTAATAATTTATCCGGTACTCTGTTAACCGGTATATAGTGGG	273
Qy	121	CTACACTTATATATCCGGAOCGAATGGAATATATGSGTGCTATATATATCTTTTGGTACC	180
Dd	274	CTACACTTATATATCCGGAOCGAATGGAATATATGSGTGCTATATATATCTTTTGGTACC	333
Qy	181	CTAATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGAGAACAAACAAAACAGTATGACACAAATTTAT	240
Dd	334	CTAATCACTGTCTTTTGGCCCCGGGAGAACAAACAAAACAGTATGACACAAATTTAT	393
Qy	241	AAAAATGGAGAATTTTTGTTGTATACCGTTAACAGAAAGCATAAAACAGTAAAGTTA	300
Dd	394	AAAAATGGAGAATTTTTGTTGTATACCGTTAACAGAAAGCATAAAACAGTAAAGTTA	453
Qy	301	CAAACCTTATGAAGAATTGAGCAAAATTTTACAAGCATATATACACATTTAGATGATGG	360
Dd	454	CAAACCTTATGAAGAATTGAGCAAAATTTTACAAGCATATATACACATTTAGATGATGG	513
Qy	361	AGAAAATTTAAAAAGACTACACAGCTCTGTGATTTACACACATCATCAGCATTTACAACAAGCT	420
Dd	514	AGAAAATTTAAAAAGACTACACAGCTCTGTGATTTACACACATCATCAGCATTTACAACAAGCT	573
Qy	421	GCCCTGACTCTTAAAAATPACGATTTGAGAAATGTTCAACATGATTTTATTCGAGAAATPACT	480
Dd	574	GCCCTGACTCTTAAAAATPACGATTTGAGAAATGTTCAACATGATTTTATTCGAGAAATPACT	633
Qy	481	GGTTTCCAATTGAAACTTATAAAAGGCTATTATCTACTATTTATATGGCGCAAGCTGCTAAT	540
Dd	634	GGTTTCCAATTGAAACTTATAAAAGGCTATTATCTACTATTTATATGGCGCAAGCTGCTAAT	693
Qy	541	TTTCATTATTAATTTATTTACAAACAAGGTGCTGAATTTGGCTGATGAATGGAATGCAGATATA	600
Dd	694	TTTCATTATTAATTTATTTACAAACAAGGTGCTGAATTTGGCTGATGAATGGAATGCAGATATA	753
Qy	601	CATCTCTYACAAMTTGAACTTAATGCTGNAACATCAGATGACTATTATTAACCTTTTAAAA	660
Dd	754	CATCTCTYACAAMTTGAACTTAATGCTGNAACATCAGATGACTATTATTAACCTTTTAAAA	813
Qy	661	GAATAATTAATCTTAATATATGTAATCTATTGTGCAAATPCTATATGAGAAAGACTTAATAAA	720
Dd	814	GAATAATTAATCTTAATATATGTAATCTATTGTGCAAATPCTATATGAGAAAGACTTAATAAA	873
Qy	721	CTTTCGAAAAGCACTTAATATGAGATGGAATATTTTAATGATTTATGCAAGATATATGACT	780
Dd	874	CTTTCGAAAAGCACTTAATATGAGATGGAATATTTTAATGATTTATGCAAGATATATGACC	933
Qy	781	ATTACTGTATTTAGATATCTATCGTCAATTTTCTTTTATGATATPAAAGAGATACAAGAT	840
Dd	934	ATTACTGTATTTAGATATCTATCGTCAATTTTCTTTTATGATATPAAAGAGATATAGAT	993
Qy	841	TCAATGGAAGATAG-----GTGGCATTTAAAACAGACTTACAAAGAAATTTATPACA	894

Db	994	TCAATAGAGGAATTAAGTAAGTAAAGGCAATTAAAGATGAACCTCAAGAGAAATTTATACA	1053
Qy	895	ACTGAAATAAATTTTGACCGGTCTTACTTACCTTGAAATTCACCCCAATCTCGTATATAGT	954
Db	1054	ACTGAAATAAATTTTGACGTCTTCTTCACCTTGAAGAGTTCAACCCCAATCTAGTACGATG	1113
Qy	955	GAATATATATTAACCGGTTCAGGGCTTAGATTTATTTCAATTTTATGATGAACCTATATTT	1014
Db	1114	GAATATATATTAACCGGTTCAGGCAAGTTTAAATTTATTTTCAATTTTATGAACAAATTAATTTT	1173
Qy	1015	TATACAAAAATGAAACGTACGGGAATCGTTAGTGTATTTGGCAATCGTAATAGATCT	1074
Db	1174	TATACGAAATATCAAAATTTGGGAGATCGTTAGTGTATTTCTAATCGTAGATCACT	1233
Qy	1075	ACTATATGCTACGACAGAACTGAATTATATATGAGAGAAAGACAGGTCCACCAACA	1134
Db	1234	ACTATATGCAATATCTATATCTGAACCTTATATGAGAGAAAGACAGGTTCACCAACA	1293
Qy	1135	AAAATTTAATATCAATTTGGAATCCATATAATTTCAATTTGATCTGATAGCAAGTACT	1194
Db	1294	AAAACAAATAGACCAATTTGAATCTTATTAAGTTTCAATTTGATCTGATAGCAATCACT	1353
Qy	1195	CCTACTTCCCTTTTCCTAACATATATCTTCAATTAATCAAAATTTGAACCTTATTTAAT	1254
Db	1354	CCTGTTTCCCTATATC--AACACACTTATATTAATTCAAATTTGAACCTTATTTAAT	1410
Qy	1255	AATTCACCTAGTAATTAATTAACATATTCAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAA	1314
Db	1411	GGCTCATCTTAACAACACACTCAAAATATTCAGAGAGAGGCTTTATCTAATTAACAAC	1470
Qy	1315	ACAACTGATTTTCAATTTCTGTAAAAAAGACTGTAAACAATTTATATCCAATGTG	1374
Db	1471	ACAACTTTTTCATTTTCTTGAAGAAAAAGACTGCATCTAGTATTTGATCCAGGTGTG	1530
Qy	1375	TTACCAAGCTAATATAGTATAGCATATTTTATCCAGTTTCTTATTTAATATATTC	1434
Db	1531	TCACCAACTTTAATATACATATATGTCATATTTTATCCATTTTCAATTAATTAATTC	1590
Qy	1435	TATAAAAATTTGATTAAGCGCTAAATATATTTATACAGGTGCAATGAGTAGACACAGT	1494
Db	1591	TATGTAATGGAATTAACGCTACAAATATTAATACAGGTGATTTAGATGAGACACAGT	1650
Qy	1495	AGTGTATATAGAAATATGCAATATCAGATAAATATTAACAATGATCCGCAATCAA	1554
Db	1651	AGTGTGATATATTAATGCAATATCAGATAAATATTAACAATGATCCGCAATCAA	1710
Qy	1555	GGTAAAGCTCTTGATACAAACTCTAAGGTATGAAAGACCTGGTCATACAGAGGAAAC	1614
Db	1711	GGTAAACATCTTGATACAAACTCTAAGGTATGAAAGACCTGGTCATACAGAGGAAAC	1770
Qy	1615	TTGGTTTATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTACAGATTACATGTAGAACCTCTAATTTCTACA	1674
Db	1771	TTGGTTTATTTACAAAGTCAAGGGCGTTTACAAATTTACATGTGAACCTCTAATTTCTACA	1830
Qy	1675	CAATCTTATTTACATTAGACTTCGATACGTCACAAATGGTGTGGAATAATCTCTTCTAAT	1734
Db	1831	CAATCTTATTTACATTAGACTTCGATATGCTCAAAATGGTGTGGAATAATCTCTTCTAAT	1890
Qy	1735	ATATCTCTTACAAATACGAGAGTATAGGAATCACTCAACGACTCAACAACCTTTT	1794
Db	1891	ATATCTCTTACAAATACGAGAGTATAGGAATCACTCAACGACTCAACAACCTTTT	1950
Qy	1795	TCTGGTACAAATTAATTAATTTTACAAATACGAGATTTTGGGTATTTTCAATTTCCAGT	1854
Db	1951	TCTGGTACAAATTAATTAATTTTACAAATACGAGATTTTGGGTATTTTCAATTTCCAGT	2010
Qy	1855	ACAGTAACATTAACCTTTAATTCGAAACATTAATTAATTAATTCGTGAGATGTATCA	1914
Db	2011	ACAGTAACATTAACCTTTAATTCGAAACATTAATTAATTAATTCGTGAGATGTATCA	2070
Qy	1915	AATTCATTTTATATCATGTATTAATTTTATACCAATTAATCTCTCTGTACGCCAA	1974
Db	2071	AATTCATTTTATATCATGTATTAATTTTATACCAATTAATCTCTCTGTACGCCAA	2130

[illegible]

ORIGIN
/note="g was a in [1]"
/citation=[2]

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 1; Length 3543;
Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 4,9e-36;
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;
499 TATATAACGCTTAACTACTATTTATGCGCAAGCTGCTAATTTTCATTTAAATTTATTA
604 TATTAACATATGATATTAATTAATGACACAGCAAGCAACTATGATGATTTA 663
559 CAACAAGGCTGATTTGGCTGATGAATGCAATGCAATATACCTTCAAAATTTGAA 618
664 AATCAAGCCGCTCAATTTGAAGGCTATTTAAAAACAATGCAATTCATTTATTAAG 723
619 CCTAATGCTGGAACATAGATGACTATTAATTAATTTTAAAGAAAATATACCTAATAT 678
724 CATTGGCC--AACAGCAATTTGATTTATTCAGATTTGACTAAGCTATAGAAATTA 780
679 AGTAACTATTTGCAATATACCTATAGAGAGACTAATTAATTAACCTTCAAAAGCACTAAT 738
781 ACTAATATTTGTAACAACTTATATTAATAAAGATTAATTTAATTAAGAGCCGAT 840
739 ATGAGATGAGATATTTATGATATGCAAGATATGACTATTTACTGATTTAGTACT 798
841 AGTAACTTGTATGAAATATTAATTAACCTGAAACATACATATGATCGACAAAATGACT 900
799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGT 858
901 ACTGCTGATTAATGATTTGTTGCACTTTCTTAATTTATGATTAATTAATTAATTA 960
859 GGCAATTAACCTGAACTTACAGAGAAATTTATTAACAATTAATTTTGAACCGCTT 918
961 GGATGCAATCTGAACCTTACGAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATCTCGAGA 1013
919 ACTTAACTTGAATTAACCAACCAATCTGCTATTAATGAAATTAATTAATTAACGCTGAG 978
1014 AACCCCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1073
979 CTAAATTAATTTTCAATTTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1038
1074 TTTTATTTACTGCTGATTTCTTTGAAATTTTATTAAGAAAAGCGCAATCTCTATTA 1133
1039 AATCGTTTATGTTGATTTGCAATCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1097
1134 TTTTTCACAGCAGCATTAATTAATTTGTTCAATTAACACTGATTAATTAATTAATTAAT 1193
1098 AATTAATTAATGAGAGAAAGCAAGCTCAACCAACAACTTAATTAATTAATTAATTAAT 1157
1194 TAGTGTATTTTGGAAATCAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1253
1158 CTAAATTAATTTCAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1217
1254 TATTTATTTTATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1313
1218 ATACTTAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1277
1314 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1373
1278 ATATTTACGCTGGGGGAAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1337
1374 TACAGCAGGATCTGGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1433
1338 AAAAAAGAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1397
1434 TCTTAAACGAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1493
1398 TCAATTTTATTTCCAGTTTCTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1457
1494 TCAATTTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1538
1458 TATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1517

DB 1539 TAAACTCAAGTATATACCTTTGCTTGGACACACTTACGTGTTATCTTAAATAATCAAT 1598
QY 1518 ATCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1577
DB 1599 TATTAACATTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1658
QY 1578 TAAGTAATTAAGAGCACTGCTGATTAACAGAGAGAACTTGTATTTATTAATTAATTAATTA 1637
DB 1659 TAAGGTGTTCAAGAGCTGCTGATTAACAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1715
QY 1638 GCGTTAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1697
DB 1716 ---TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1772
QY 1698 ATACGCTAACAATTTGGCTGAGAAATCTCTGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1757
DB 1773 TTTTGTCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1832
QY 1758 AATAGGAATTAACCACTCAACAGCTCAACAACTTTTCTGCTAACAATTAATTAATTAATTAAT 1817
DB 1833 AGCAGAACTG---GGTATGCACTCAACCCCACTTTTCTGCTAACAATTAATTAATTAATTAAT 1889
QY 1818 ACAATACGAGATTTTGGGATTTTCCAAATTTCCAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1877
DB 1890 AAAAAATTAAGATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1949
QY 1878 AAAATACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1934
DB 1950 AAACATTAATCTTTGCTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2009
QY 1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1994
DB 2010 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2069
QY 1995 AGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2054
DB 2070 AGAAACAGTAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2129
QY 2055 TATTAAGGCAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2085
DB 2130 ATCAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2160

RESULT 5
BACISRH4
LOCUS
DEFINITION
Bacillus thuringiensis israelensis plasmid gene for 130 kDa
insecticidal protein (ISRH4), complete cds.
ACCESSION
D00248.1 GI:216289
VERSION
130 kDa insecticidal protein (ISRH4).
KEYWORDS
Bacillus thuringiensis serovar israelensis
Bacillus thuringiensis serovar israelensis
Bacteria; Firmicutes; Bacilliales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
cereus group.
REFERENCE
1 (bases 1 to 4253)
Sen, K., Honda, G., Koyama, N., Nishida, M., Neki, A., Sakai, H.,
Himeno, M. and Komano, T.
Cloning and nucleotide sequences of the two 130 kDa insecticidal
protein genes of Bacillus thuringiensis var. israelensis
Agric. Biol. Chem. 52, 873-878 (1988)
The genes of ISRH3 and ISRH4 that were 130 kDa insecticidal
proteins of Bti were sequenced and compared with other insecticidal
protein genes. ISRH3 and ISRH4 were identical in a region of the
C-terminal 467 amino acids.
FEATURES
Location/Qualifiers
1..4253
/organism="Bacillus thuringiensis serovar israelensis"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="HDS22"
/sub_species="israelensis"
/db_xref="taxon:1450"

/clone="pB8H4"
 /plasmid="pBRI-5 and pBRI-6"
 /note="976 bp downstream of HindIII site"
 381..385
 /note="Shine-Dalgarno sequence"
 393..3935
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="130 kDa insecticidal protein (ISRH4)"
 /protein_id="BA00179.1"
 /db_xref="GI:216290"

CDS

```

/translation="MNPYONKREYELTNAQKLNISNNYTRYPIENSPOKLOSTNY
KDLNMCQNOQYGDRETFIDSGELSYITVGVLTGVTLPGLALIGSTLLE
VLPAPODSNTSDPIVOTKNI IKKEIASYINANKLNENFVISTYHNLTWEN
NPNPODPTOIOIVHYRONYIPBELNSCPNBPDCDYNNILUSSTYQANLIL
TVLNOAYKFAKYNKROFDYLEPLPAIDYIPVTKAIEDYIN CVTTKGNLILK
TPDSNLIDGINNNTYNTYRTKMTAVLDIALPKNYDVGKPIGVQSELTRELYOVL
NFBESPKYKDFQYQEDSLTRPPLFTWLSLNFYERAKQTPNPFISHMYFTLID
NISQSSVFENHNTYDKLSGLATNIIYIPLANTISLNDKLNINNSIKMDPFTNG
TRLEKELTAGSGOITYDVNKNIFGLPIKRENOGNPTLEPTDYNSHLSIFKLS
IPATYKVOVTPFAHSSVDPKNTIYTHLTQIPAYVANSIGTSKVVQSGPHGGL
IDFQHFRTIQSHNFOOSYFTRIRIVASNSANTRAVINLSIPVAELGMLNFTFG
TDYTNLKYKDFQYLEFSNEVEFAPNOMISLVNRSDVYTNNTVILDKIEPLRISLR
EDERKQKLETVQOQINTPYANPIKNTLQSELTDYDIDQANLVLCISBELPKERMLL
LDEVKNAKOLSOSSNVLONGDFESATLGMTSDNITIDEDPIFKGHYLVESGARDID
GLTTPYIFOKIDSKLKYTRYLVKRGVSSKQVELVSVGEIDAIMNVPADLNY
LYSTPDCESGNCEISAVNPANIGNTSMILSCQYDVGKRVVQDSHOPSFTIDTA
LDINENGVWVWFKISSPDGYASLDNLEVEISPIIDGALSRYVHMEKMDQWEAKR
SETQOADVAKQADALFTVNOQDALFDITLAIQYAEVYVOSIPVYNDMLSDVPS
MNYDIYELDKARVAQARYLXDRTNI IKNGDITQGVMEGHVNTVVOOIKDGVSLVLS
NMSAGVONVHLQHNHGVLYLVIAKESPEGVYTLMDCEBNOKKLPFTSCBEGYITK
TVDFPPTDRIRIEIGTBSFYIESIELICMNE"
  
```

ORIGIN

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 1; Length 4253;
 Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 4.5e-36;
 Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;

```

QY 499 TATATAAGCTATTAACCTATTATTCGCGAAGCTGCTAATTTTCATTAAATTATTA 558
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 996 TATAACACTACTAGATTAATCTAGATATGACAGAGAGAACTTACATCTACGTATATA 1055
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 559 CAACAGGCTGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 618
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1056 AATCAAGCCCTCAATTTGAAGCGTATTTAAAAACAATCGACATTTGATTTTAGG 1115
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 619 CCTAATGCTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 678
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1116 CCTTGGC--ACAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1172
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 679 AGTAACTATTGTGCAATACCTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 738
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1173 ACTAATATTGTGTAACAATTAATAAAAGAGATTAAATTAAATTAACACAGCGCTGAT 1232
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 739 ATGAGATGAGATATTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 798
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1233 AGTAACTATTGTGCAATACCTATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1292
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 799 ATGCTCAATTTCTTTTATGATTAATAAGATCAAGATTCATATGAGAGAGATAGT 858
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1293 ACTGCTGATTAAGATCTTGTGCACTCTTCTCTAATTATGATGATGATGATGATGAT 1352
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 859 GGCATTAACCTGAACTTACAGAGAAATTTTATACACTGAAATTAATTTGACCGCTTT 918
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1353 GGTGTCATCTGAACCTTACAGAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAATCTTGAAGA 1405
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 919 ACTTACCTTGAATCAACCAATCTCGCTAATATGAGATTAATTTTAAACAGTTCAAGG 978
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1406 AAGCCCTTAATTAATTTATGACTTCAATATCAAGAGATTCATTAACGAGACCGCA 1465
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 979 CTATGATTAATTTTATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1038
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1466 TTTATTTACTTGGCTTGAATCTTTGATTAATAAAAGCGCAAACTACTCTCTAATTA 1525
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
  
```

```

QY 1039 AATGTTAAGTGTATTTGCAATCGTAATGATCTACTT-ATGCTACGACAGAACTGA 1097
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1526 TTTTTCACCAAGCATTAATATATGTTTTCATTAAACACTTGATATATATCCAAAATC 1585
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1098 AATTATATATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1157
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1586 TAGTGTTTTGGAAATACATATGATGATTAATTAATCTCTGGTTGGCAACAAA 1645
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1158 CTATTAAGTTCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1217
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1646 TATTATATTTTATTTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1705
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1218 ATACTTACCAATTAATCAAAATGAACTTTAATTTAATTAATTTACCTGATTAATTAAC 1277
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1706 TAAATATGTAATTAATGATTTTATTTATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGAT 1765
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1278 ATATTGAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATTAATAAAACAACTGATTTTCAATTCCTGT 1337
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1766 TAGAGAGAGATCTGGGCAATTAATTAATGATTAATTAATAAATTTTTCGGGTTACCAAT 1825
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1338 AAAAAAGACTGTAAACCAATTTAATCCAAATTTGTTACCAAGCTAATTAATGATTAAG 1397
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1826 TCTTAAACGAGAGAGATCAAGAGAAACCTTACCTTTTCCAAATATGATTAATGATTAAG 1885
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1398 TCATATTTTATCCAGTTTCTTATTTAATTAATTTATTCGATTAATAATGATTAAGGCTAAA 1457
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1886 TCATATTTTATCATTTATTAATAAGCTCTTATGATGCC-----TGCACATTA 1930
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1458 TATATTTATATACAGTGCATTTAGATGAGACACACAGTATGTTAATGAAAATTAATGCAAT 1517
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1931 TAAACCTCAAGTATATAGTTTGTGTTGAGACACATCTATAGTTGATCCTAATAAATACAT 1990
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1518 ATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1577
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 1991 TTATACCATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2050
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1578 TAAAGTATTAAGAGACCTGCTGATCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1637
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2051 TAAAGTATTAAGAGACCTGCTGATCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2107
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1638 GCGTTTATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1697
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2108 ---TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2164
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1698 ATACGCTAACAATGCTGAGAAATCTCTTCTAATTAATCTCTTACATTAACAGAGT 1757
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2165 TTATGCTTCAAAATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2224
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1758 AATGAGAAATCCACCTCAAGACATCAACACATTTTCTGATCAAAATTAATTAATTT 1817
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2225 AGCAGAACTG--GATATGCACTCAACCCCACTTTTCTGATCAAGATTAATTAAGAAATTT 2281
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1818 ACAATACGAGAGATTTGGGTATTTTCAATTTCAAGTACAGTAACTTAATTAATTAATTCG 1877
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2282 AAATATTAAGATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2341
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1878 AAACATTAACATTTAATTTAATGCTGAGATGAT--CAATTAATTTAATTAATTTAATTT 1934
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2342 AAACATTAACATTTAATTTAATGCTGAGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 2401
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1935 TAAATTTGAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1994
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2402 TAAATTTGAATTTTCTGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 2461
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1995 AGAATATTAACCAACAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 2054
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2462 AGAATATTAACCAACAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 2521
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2055 TATTAAGACCAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 2085
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 2522 ATCAAGAACTTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTA 2552
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
  
```


RESULT 6
LOCUS 108083 4451 bp DNA linear PAT 02-DEC-1994
DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0296870.
ACCESSION 108083
VERSION 108083.1 GI:589204
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
REFERENCE 1 (bases 1 to 4451)
AUTHORS Ellar,D.J. and Ward,E.S.
TITLE New toxin-encoding DNA fragments from *Bacillus thuringiensis*
JOURNAL subsp. israelensis
FEATURES
PATENT: EP 0296870-A1 1 28-DEC-1988;
Location/Qualifiers
1..4451
/organism="unknown"
/mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN
Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 6; Length 4451;
Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 4.4e-36;
Matches 856; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;
QY 499 TATATAACGCTATTACTACTATTATGCGACCTGCTAATTTTCATTAAATTATTA 558
DB 1494 TATATACATACATAGTATATCTAGTTATGACACAGCAACAACTACATCGATATTA 1553
QY 559 CAACAGGTGCTGAATTGGCTGATGAAATGGAATGCAATATACCTCTTCAAAATTGAA 618
DB 1554 AATCAACCCGCTCAAAATTGGAAGCTATTTAAAAACAATGCAATTCGATTTATTAG 1613
QY 619 CCTAATGCTGAACATGATGATGATTAATTAACCTTTTAAAGAAATATATCTTAATAT 678
DB 1614 CTTTGGC---AACAGCAATTGATTTATTTATTCAGTATTTGACTTAAGCTATTAAGAAATTAC 1670
QY 679 AGTAATCTATTGTGCAAACTTATAGAGAGAACTAATAATTAATCTTCAAGAACTTAAT 738
DB 1671 ACTAATATATTGTATACACTTATTAATAAGAAATTAAATTTAATTAAGAACCCCTGAT 1730
QY 739 ATGAGATGAGTATATTTAATGATTAATGCAAGATATATGACTATCTGATTAATGATCT 798
DB 1731 AGTAATCTGATGAAATATTAATACTGAAACATACATACATATCGATTCGAACAAATGACT 1790
QY 799 ATGCGTAATTTCTTTTATGATATATAAGATATCAAGATTCATATAGAGAAATAGT 858
DB 1791 ACTGCTATATTAAGATGTTGTCACCTCTTCTTAATTAATGATGTAATATATCAATA 1850
QY 859 GGCAATTAACCTGAACCTTACAGAGAAATTTATCAACTGAATTAATTTTGAACCTCTT 918
DB 1851 GGATGCAATCTGAACCTTACGAGAAATTTAT-----CAGTACTTAATCTTCAAGAA 1903
QY 919 ACTTACCTTGAATTAACCAACCAATCTGCTATTAATGAAATTAATTTAACAAGG 978
DB 1904 AAGCCCTATTAATAATATATGACTTCAATATCAAGAGATTCACCTTACAGTGAACGCA 1963
QY 979 CTTAGATTAATTTCACTTTTATGATGAACCTTATATTTATCAAAAAATGAAGTACGG 1038
DB 1964 TTTATTTACTTGGCTTGAATCTTTGAATTTTATGAAGAAAGCGCAAACTACTCTAATA 2023
QY 1039 AATCGTTAGTGTGATATGCGAATCGTAATGATCTACTT-ATGCTACGACAGGAACTGA 1097
DB 2024 TTTTTCACACAGCATATATATATGTTTCACTTACACCTTGATATATATCCAAATATC 2083
QY 1098 AATTATATATGAGAGAAAGAGCTGCAACCAACAACAAATCTTAAATACCATTTGATC 1157
DB 2084 TAGGTTTGTGAAATACACATGTAACTGAATTAATTAATCTCTGTTGGCAACAAA 2143
QY 1158 CTATTAAGTTCAATTTGATGATAGACAGTAACTCTTAATCTCCCTTTTCTTAATCAT 1217
DB 2144 TATTAATATTTTATTAATATGTCATAGCTTATGATTAATAATATCTAATATGATTA 2203

QY 1218 ATACTTACATTAATCAATTTGAACCTTATTTAATAATTAATTCACCTAGTAATAATTAAC 1277
DB 2204 TATATATTAGAAAANGATTTTATTAATCTATAGTACTAGACTTTTGGAGAAAACCT 2263
QY 1278 ATATTCACTGGGGGGAATTTATCTATATGATTAATAAAACAATGATTTCAATTTCTGT 1337
DB 2264 TACAGCAGATCTGGGCAATTAATATGATGTAATAATAATATTTTGGGTTACCAAT 2323
QY 1338 AAAAAAGACTGTAACCAATTAATTAATCAATTTGTTACCAAGCTATATATGATATAG 1397
DB 2324 TCTTAACAGAGAGAAATCAAGAAACCTTACCTTTTCCACATATGATATATAG 2383
QY 1398 TCAATTTTATCCAGCTTTCTTATTTATTTATTAATTTCTTAATAAATGATTAAGCGCTAA 1457
DB 2384 TCAATTTTATCATTTATTAATAAGCTTATGATATCC-----TGCAACATA 2428
QY 1458 TATATTAATATACAGGTGATTAAGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATATGCAAT 1517
DB 2429 TAAAACTCAAGTATATACGTTTGTCTTGACACACTGATGTTGATCTTAATAATCAAT 2488
QY 1518 ATCAGATTAATAATATATACATGATCCAGCAATCAAAAGTAACAGTCTGATCAAACTC 1577
DB 2489 TTATACACATTTTACTTACCAATTTCCAGCTGTAAGAGAAATTCCTTGGACCTCTTC 2548
QY 1578 TAAATTAATTTGAAGACCTGCTCATACAGAGAGAACTTGGTTATTTTCAAAAGTCAAG 1637
DB 2549 TAAATTTGTTCAAGACCTGCTCATACAGAGAGAACTTAAATGATTTCAAGATCA--- 2605
QY 1638 GCGTTTGAATTAATCAATGTAAGAACTCTTAATTTCAACATCTTATTAATTAATGACTTG 1697
DB 2606 ---TTTCAAAATTAATCAATGTAAGAACTCTTAATTTCAACATGATTTATTAAGAAATG 2662
QY 1698 ATACGCTACAAATGAGTGTGAAATGCTCTTCTTAATATATCTTACAAATACAGAGAT 1757
DB 2663 TTATGCTTCAATATGAGAGGCAATATCTGAGCTGTTATTAATCTTAATATCCAGGGGT 2722
QY 1758 AATAGAAATACCACTCAACGACTCAACAAACTTTTGTGTAATTAATTAATTAATTT 1817
DB 2723 AGCAGAACTG---GATAGGCACTCAACCCACTTTTCTGATGATTAATATGCAATTT 2779
QY 1818 ACAATACGAGATTTTGGTATTTCCAAATTTCAAGTACAGTAACTTAATTAATG 1877
DB 2780 AATATTAAGAAATTTTCAATGATTAATTTCTTAAGAGGTAATTTGCTTCAATCA 2839
QY 1878 AATCATACATTAATTAATATGTCAGATGAT---CAATTTCAATTTTATATCAATGA 1934
DB 2840 AATCATATCTTTGTTTATATGTTTCCAGATGATATACAAACACAAACGATCTTAATGA 2899
QY 1935 TAAATTTGAATTTATACCAATTAATCTCTCTGACGCCAAATATGAGAAACCAAAATTT 1994
DB 2900 TAAATTTGAATTTCTGCAATTAATCTGTTCTATTAAGAGATGAGAGAAACAAAAATTT 2959
QY 1995 AGAACTATTCACAAACAAATTAATATCAATTTTCACAATCATACAAAAATCTTTAA 2054
DB 2960 AGAAACAGTACCAACAAATATTAATTAATTAATGCAAAATCTTAATAAAACCTTTACA 3019
QY 2055 TATAGAAGCCACAACATGATGATTAATA 2085
DB 3020 ATCAGAACTTACAGATTAATGACATTAATCA 3050
RESULT 7
LOCUS 109103 4451 bp DNA linear PAT 02-DEC-1994
DEFINITION Sequence 1 from Patent WO 8810305.
ACCESSION 109103
VERSION 109103.1 GI:588188
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
REFERENCE 1 (bases 1 to 4451)

AUTHORS Eilar,D.J. and Ward,E.S.
JOURNAL Patent: WO 8810305-A 1 29-DEC-1988;
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..4451
/organism="unknown"
/mol_type="unassigned DNA"

ORIGIN

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 6; Length 4451;
Best Local Similarity 53.9%; Pred.No.4,4e-36;
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;
QY TATATAAGCTATTACTACTATTATGCGCAGCTGCTAAATTTTCATTAAATTTATTA 558
DB 1494 TATATAAGCTATTACTACTATTATGCGCAGCTGCTAAATTTTCATTAAATTTATTA 1553
QY 559 CAACAGGTGCTGAATGGCTGATGATGAATGAGATGATATACCTCTTCAAAATTGAA 618
DB 1554 AATCAAGCCGTCAAATTTGAAGCGTATTTAAAAACAATCAATTCGATTTATTAGAG 1613
QY CCTAATGCTGGAACATCAGATGACTATTTAACTTTTAAAAAGAAAATTTACCTTAAT 678
DB 1614 CTTTGGCC--AACGCAATGATTTATTCAGATTTGACTTAAAGCTATGAAAGATTAC 1670
QY AGTAACATTTGTCAAATACCTATAGAGAGAGACTTAATTAACCTTGAAGCAACTTAAT 738
DB 1671 ACTAATTTTGTGTACACTTTTAAAAAGATTTAAATTTTAAATTTAAACGACCTTAAT 1730
QY 739 ATGAGATGAGATATTTATGATTTATGAAATATATGACTATTTACTGTATTTAGATCT 798
DB 1731 AGTATCTTGATGAGAAATATTAATCAATGAAACATATCAATACGATTCGAAACAAATGACT 1790
QY 799 ATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGAGATTAACAAGATTCATATGAGAAATAGT 858
DB 1791 ACTGCTGATATGATGTTGTGCACTCTTCTTAATTTATGATGATGATTAATTCCTCAATA 1850
QY 859 GGCATTAACCTGAACCTTACAGAGAAATTTATACACTGAATTAATTTTGAACCGCTTT 918
DB 1851 GGTGTCAATCTGAACCTTACGAGAAATTTAT-----CAGGTACTTAACTTGAAGA 1903
QY 919 ACTTACCTTGAATTCACACCAATCTCGCTAATATGAAATTAATTTTAAACAAGTTCAAGG 978
DB 1904 AAGCCCTAATAATATATGACTTTCAATATCAAGAGATTCACTTACACGAGACGCA 1963
QY 979 CTATGATTTTTCATTTTATGATGAACTTATTTTATACAAAATTAAGAAACGTACGGG 1038
DB 1964 TTTATTTTACTTGGCTGATCTTTTGAATTTTATGAAAAGCGCAACTACTCTCTAATTA 2023
QY 1039 AATCGTTAGTTGGATTCGCAATGCTAATAGATCTACTT-ATGCTACAGACAGAACTGA 1097
DB 2024 TTTTTCACCGACCATTTATATATTTTCATTACACTTGATTAATATATCCAAAATTC 2083
QY 1098 AATTATATATGAGAAAGAACAGGTCAACCCACAACAAAATTTTATATACATTTGAATC 1157
DB 2084 TAGGTGTTTTGGAATTCACATATGATTAATAATTAATTAATCTGTGGTTGGCAAGAA 2143
QY 1158 CTATTAAGTTTCAATTTGATGATGACAGTAACTCTTCTCCCTTTTCTTAAT 1217
DB 2144 TATTTATTTTATTTTATTAATATGATCAAGCTTAAATTAATTAATTAATGATTAATA 2203
QY 1218 ATACTTCAATTAATCAATTTGAACCTTATTTAAATAATTCACCTATTAATTAATTAAC 1277
DB 2204 TAAATATATGTAATATGATTTTATTAATCTAATGATCTAGACTTTTGGAGAAAGAACT 2263
QY 1278 ATATTCAGCTGGGGGAAATTTATCTAATGATTAATAAAACAATGATTTTCAATTTCTGT 1337
DB 2264 TACAGCAGATCTGGGCAATTAATCTATGATTAATAATAATATTTTTCGGGTATCAAT 2323
QY 1338 AAAAAAAGCTGTAACCAATTTATATCCAAATTTGTTTACAGCTATTAATAGTTATAG 1397
DB 2324 TCTTAAACGAAGAGAAATCAAGAAACCTTATCCCTTTTCCACATATGATTAATCTAATAG 2383
QY 1398 TCATATTTTATCCAGTTTCTTTTATTTAATATTTCTATAAAATTTGATTAAGCCTTAA 1457

DB 2384 TCATATTTTATCATTTATTAAGCTTAGATCC-----TGCAACATA 2428
QY 1458 TATTTTATATACAGTGCATTAGATGACACACAGTATGTTTAAATTAATATGCAAT 1517
DB 2429 TAAATCTCAAGTATATAGTTTGTGTGACACACTCTAGTATCTTAAATAATACAT 2488
QY 1518 ATCAGATTAATAATTAATCAATGATCCGACCAATCAAGATTAAGCTTGTATACAAATC 1577
DB 2489 TTATACATTTTAACTTACCAATTTCCAGCTGTAAAGGCAATTCACCTTGGACTGCTTC 2548
QY 1578 TAACTAATTTGAAGACCTGTGCTATACAGAGAACTGTGTTTATTTTAAACAAAGTCAAG 1637
DB 2549 TAACTGTTTCAAGACCTGTGCTATACAGAGAGGGAATTTATATGATTTCAAAAGTCA--- 2605
QY 1638 GCGTTTGAATTTATCATGTAGAACTCTTAATTTTACACATCTTATTAATCATTAAGCTTCG 1697
DB 2606 ---TTTCAAAATTTCAATGTCACAACTCAAAATTTTCAAAATCGTATTTTATTAAGAAATTCG 2662
QY 1698 ATAGCTTACAAATGATGCTGGAATTAATCTTCTTAATTAATCTCTTAATTAATACAGAGAGT 1757
DB 2663 TTATGCTTCAATATGAAAGCGCAATTAATCTGAGCTGTATTAATCTTATGATCCAGGGGT 2722
QY 1758 AATAGAAATACCACTCAACGACTCAACAACTTTTCTGTACAAATTTAATTAATTT 1817
DB 2723 AGCAGAACTG---GATATGCACTCAACCCACTTTTCTGTACAGATTAATAGAAATTT 2779
QY 1818 ACAATACGAGATTTTGGGATTTTTCATTTTCAATTTTCAAGTACAGTAACTTAATCTTTAATCG 1877
DB 2780 AAATATTAAGATTTTTCAGTACTTGAATTTTTCAGAGGTGAATTTGCTCCAAATCA 2839
QY 1878 AAATATACATTTATTTAATTCGTGAGATGAT---CAATTCATTTTAAATCATTTGA 1934
DB 2840 AAACATATCTCTGTGTATATGCTGAGATTAATTAACAAACACAAAGTATTTATGTA 2899
QY 1935 TAAATTTGAATTTTATACCAATTTACTCTCTGTACGCAAAATTAAGAAAAAATTT 1994
DB 2900 TAAATTTGAATTTTCTGCAATTTACTCGTCTATTAAGAGATTAAGAGAAACAAATTT 2959
QY 1995 AGAAACTATTCGAAACAAATAATTAATTAATTTTTCACAAATCATTAACAAAATTTACTTTAA 2054
DB 2960 AGAAACGATCAACAAATAATTAATTAATTTATGCAAAATCTTAATAAAACACTTTTACA 3019
QY 2055 TATAGAACCCCAAACTATGATTTGATTTA 2085
DB 3020 ATCAGAACTTACAGATTTATGATATGATCA 3050

RESULT 8
LOCUS E01676 4934 bp DNA linear PAT 29-SEP-1997
DEFINITION DNA sequence encoding Bacillus thuringiensis insectivorous protein.
ACCESSION E01676
VERSION E01676.1 GI:216929
KEYWORDS JP 1988230090-A/1.
SOURCE JP 1988230090-A/1.
ORGANISM Bacillus thuringiensis
Bacillus thuringiensis
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.
REFERENCE 1 (bases 1 to 4934)
Komano,T. and Himeno,M.
INSECTICIDAL PROTEIN OF STRAIN BACILLUS THURINGIENSIS VAR
TITILE Patient: JP 1988230090-A 1 26-SEP-1988;
JOURNAL SUMITOMO CHEM CO LTD
OS Bacillus thuringiensis
PN JP 1988230090-A/1
PD 26-SEP-1988
PF 19-MAR-1987 JP 1987066844
PI KOMANO TORU, HIMENO MICHIO
PC C12N15/00,A01N63/00,C12N1/20,C12P21/02//A01N63/02,(C12N1/20,
C12N1/19);
CC strandedness: Double;
topology: linear;

CC hypothetical: No;
 CC anti-sense: No;
 *source: strain=HD522;
 FH Key Location/Qualifiers
 FT 5'UTR 621..1368
 FT CDS 1369..14911
 FT /product='Bacillus thuringiensis insectivorous
 protein'
 FT Location/Qualifiers
 1..4934
 /organism='Bacillus thuringiensis'
 /mol_type='genomic DNA'
 /db_xref='taxon:1428'

ORIGIN

Query Match 16.0%; Score 334.6; DB 6; Length 4934;
 Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 4.3e-36;
 Matches 856; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;

QY 499 TATATAACGCTATTACTACCTATTATGCGCAAGCTCTAATTTTCATTAAATTTATTA 558
 DB 1972 TATATACTACTAGTATATCTAGTTATGCAAGCAGAACTTACATGACTGATTTA 2031
 QY 559 CAACAAGTGTGATTTGGCTGATGATGAAATGCAATATACCTCTTCAAAATTTGAA 618
 DB 2032 AATCAAGCCGCTCAATTTGAAAGCGTATTTAAAAACAATGCAATTCGATTTATTAG 2091
 QY 619 CCTAATGCTGAACATGATGATGATTAATTAATTTTAAAGAAATATACCTAAATAT 678
 DB 2092 CCTTTGCC--MACGAAATTTGATTTATTCAGTATTTGCTAAGCTATGAAATTTAC 2148
 QY 679 AGTAATATTGTGCAAAATACCTATAGAAAGACTAAATAACTTCGAAAGCACTTAAT 738
 DB 2149 ACTAATATTGTGTAACAATTTAATAAAGATTAATTTAATAAGAGCCCTGAT 2208
 QY 739 ATGAGATGAGATATTATTAATGATTTATGAAATATATGACTATTCTGATTAATGAT 798
 DB 2209 AGTAATCTTGATGAAATATTAATTAAGTGAACATGCAATGATGATTCGAAAGAAAT 2268
 QY 799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATAAGATGCAAAAGTCAATAGAAAGATGAT 858
 DB 2269 ACTGCTGATTAATGATCTTTGCTGCTCTTCTTAATTAATGATGATTAATTTCCAA 2328
 QY 859 GGCAATTAACCTGAACCTTACAGAGAAATTTATCAACGAAATTAATTTTGAACCTCT 918
 DB 2329 GGTGTCAATCTGAACCTTACGAGAAATTTAT-----CAGTACTTAACCTCGAAG 2381
 QY 919 ACTTACCTTGAATTCACCAATCTCGCTATTAATGAAATTAATTTTACAGCTTCAAG 978
 DB 2382 AAGCCCTATTAATTAATTTGACCTTCAATTCAGAGAAATTCCTTACAGTGAACCG 2441
 QY 979 CTAGATTAATTTTCAATTTTATGATGAACCTTATATTTTATCAAAAAATGAAGTAC 1038
 DB 2442 TTTTATTTACTTGGCTTGAATCTTTGAATTTTATGAAGAAAGCGCAATCTCTTA 2501
 QY 1039 AATCGTTAGTGTGATTCGAATCTGAATAGATCTACTT-ATGCTACGACAGAACTGA 1097
 DB 2502 TTTTTCACAGCATATATATATGTTTCACTTACAGCTGATTAATATCCAAAATC 2561
 QY 1098 AATTATATATGAGAAAGAAAGAGCTCCACCAACAATAAATTTATACCATTTGATC 1157
 DB 2562 TAGGTGTTTGGAAATCAATGATTAATTAATTAATTAATTTCTTGGTTGGCAAAA 2621
 QY 1158 CTATTAAGTTCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1217
 DB 2622 TATTTATTTTATTTTATTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2681
 QY 1218 ATACTTACATTAATCAATTAATTAATTTTATTAATTAATTTTCACTGATTAATTAAC 1277
 DB 2682 TAATATTAATTAATTAATTAATTTTATTAATTAATTAATTAATTTTGAAGAAAGACT 2741
 QY 1278 ATATTCAGCTGGGGGGAATTTATCTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTTCTGT 1337

DB 2742 TACAGAGATCTGGGCAATTAATGATGATTAATTAATTAATTTTGGGTTACCAAT 2801
 QY 1338 AAAAAAGACTGAACCAATTTATTAATCAATTTGTTTACCAAGCTATTAATTTATG 1397
 DB 2802 TCTTAACGAGAGAAATCAAGAAACCTTACCTTTTTCACAAATTAATTAATTAATG 2861
 QY 1398 TCATATTTTATCCCAATTTCTTATTTATTAATTAATTTTCAATTAATTAATTAATG 1457
 DB 2862 TCATATTTTATCAATTTAATTAATTAATTAATTAATTTTCAATTTTCAATTTTCAAT 2906
 QY 1458 TATATTAATTAATCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1517
 DB 2907 TAAAGCTCAAGTATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2966
 QY 1518 ATGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1577
 DB 2967 TTTATCAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3026
 QY 1578 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1637
 DB 3027 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3083
 QY 1638 GCGTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1697
 DB 3084 -TTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3140
 QY 1698 ATAGCTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1757
 DB 3141 TTTATGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3200
 QY 1758 AATAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1817
 DB 3201 AGCAAGAACTG--GATAGCACTTCAACCCACTTTTCTGATGATTAATTAATTAATTA 3257
 QY 1818 ACATATCGAGATTTTGGTATTTTCAATTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1877
 DB 3258 AATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3317
 QY 1878 AATCATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1934
 DB 3318 AATCATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3377
 QY 1935 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1994
 DB 3378 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3437
 QY 1995 AGAACTATTCAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2054
 DB 3438 AGAACTATTCAAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3497
 QY 2055 TATAGAAAGCAAACTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2085
 DB 3498 ATCAAACTTACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3528

RESULT 9

BYPETOXIS/c

LOCUS

DEFINITION

ACCESSION

VERSION

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

REFERENCE

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

127923 bp DNA linear BCT 16-APR-2005
 Bacillus thuringiensis subsp. israelensis plasmid pBtoxis.
 AL731825.1 GI:21685410
 Bacillus thuringiensis serovar israelensis
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
 cereus group.
 1 (bases 1 to 127923)
 Berry,C., O'Neill,S., Ben-Doy,E., Jones,A.F., Murphy,L., Quail,M.A.,
 Holden,M.T., Harris,D., Zaritsky,A. and Parkhill,J.
 Complete sequence and organization of pBtoxis, the toxin-coding
 plasmid of Bacillus thuringiensis subsp. israelensis
 Appl. Environ. Microbiol. 68 (10), 5082-5095 (2002)

PUBMED 12324359
 REFERENCE 2 (bases 1 to 127923)
 AUTHORS Parkhill, J.
 JOURNAL Direct Submission
 Submitted (15-APR-2002) Submitted on behalf of the Ptoxis
 Sequencing team, Sanger Centre, Wellcome Trust Genome Campus,
 Hinxton, Cambridge CB10 1SA E-mail: parkhill@sanger.ac.uk
 Notes:
 Details of ptoxis sequencing at the Sanger Centre are available on
 the World Wide Web.
 (URL, http://www.sanger.ac.uk/Projects/B_thuringiensis/).
 Location/Qualifiers
 1..127923
 /organism="Bacillus thuringiensis serovar israelensis"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:1430"
 /note="Plasmid ptoxis"
 1145..1149
 /gene="Pto001"
 1163..2089
 /gene="Pto001"
 1163..2089
 /note="Similar in part to Bacillus anthracis ptx1-49
 TR:Q9X319 (EMBL:AF065404) (227 aa) fasta scores: E():
 8.9e-44, 78.48% id in 158 aa"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /protein_id="CAD30064.1"
 /db_xref="GI:21685411"
 /db_xref="UniProt/TREMBL:Q8KNX5"
 /translation="MSTHINFSQONFKHYGFQDLFNILKLENERKELPSSALATY
 IMHECDIGMLPREFOIMDLAKSGIPYITITGPOVCEKLVREIPIGNTATVE
 IVDVALYHTAETDINISLSYRIPYIQTITISLYKARDNRIMILDELIN
 FSRKIGMHHYKIKEDFETRMKAPLKKLNNAKRAQYIEIVKIFNADLDKK
 SSESRTTRROVOQVIEKFNVLSSNCVENDEKELRIAPICRKAASRLKMGQ
 ALRKDKENIMTAFROEIVDIEIYLPFKOKN"
 2246..3106
 /note="IS240"
 complement(2246..2262)
 /rpt_type=INVERTED
 2337..3044
 /gene="Pto003"
 2337..3044
 /note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element
 IS240-a protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta
 scores: E(): 2.2e-92, 99.57% id in 235 aa, and to
 Mycobacterium fortuitum, transposase tnp tnp6100 TR:Q49185
 (EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E(): 1.4e-37, 48.05%
 id in 231 aa"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="insertion element IS240 protein"
 /protein_id="CAD30065.1"
 /db_xref="GI:21685412"
 /db_xref="GOA:Q8KNX4"
 /db_xref="InterPro:IPR001584"
 /db_xref="UniProt/TREMBL:Q8KNX4"
 /translation="MEKENIFKMKHYQADMIWTVRWYLRVNSFRDLVEMMERGLS
 LSHTTIRWVHGYGPELNERIRKHLKTNDSRWVDEYIKIGENMYLYRAVDSGNT
 LDFYLSKKRDAKACPLKKALASPHYTKPRVITVDGNKAVPAVIRELKNKES1PYGM
 PLRYKYLIANNIIEODHRIPIKRIIRNMLGLKSMQAVKVIAGIEAMHWKKGQLRLAQ
 SAQONRCHIQLEFLTA"
 2538..2933
 /gene="Pto003"
 /note="HMPfam hit to PF00665, Integrase core domain"
 3090..3106
 /rpt_type=INVERTED
 3521..4381
 /note="IS240"
 complement(3521..3535)
 /rpt_type=INVERTED
 3612..4319
 gene

CDS
 /gene="Pto004"
 3612..4319
 /gene="Pto004"
 /note="Similar to Bacillus thuringiensis insertion element
 IS240-a protein TR:Q45766 (EMBL:M23740) (235 aa) fasta
 scores: E(): 3.5e-91, 99.14% id in 235 aa, and to
 Mycobacterium fortuitum, transposase tnpA or tnp6100
 TR:Q49185 (EMBL:X53635) (254 aa) fasta scores: E():
 1.1e-37, 48.05% id in 231 aa"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="insertion element IS240 protein"
 /protein_id="CAD30066.1"
 /db_xref="GI:21685413"
 /db_xref="GOA:Q8KH55"
 /db_xref="InterPro:IPR001584"
 /db_xref="UniProt/TREMBL:Q8KH55"
 /translation="MEKENIFKMKHYQADMIWTVRWYLRVNSFRDLVEMMERGLS
 LSHTTIRWVHGYGPELNERIRKHLKTNDSRWVDEYIKIGENMYLYRAVDSGNT
 LDFYLSKKRDAKACPLKKALASPHYTKPRVITVDGNKAVPAVIRELKNKES1PYGM
 PLRYKYLIANNIIEODHRIPIKRIIRNMLGLKSMQAVKVIAGIEAMHWKKGQLRLAQ
 SAQONRCHIQLEFLTA"
 3813..4208
 /gene="Pto004"
 /note="HMPfam hit to PF00665, Integrase core domain"
 4365..4381
 /rpt_type=INVERTED
 complement(4634..5275)
 /gene="Pto005"
 complement(4634..5275)
 /gene="Pto005"
 /note="Similar to N-terminus of Bacillus anthracis ptx1-18
 TR:Q9X2Y9 (EMBL:AF065404) (315 aa) fasta scores: E():
 4.2e-56, 84.15% id in 183 aa, and to Bacillus halodurans
 Bh2364 protein TR:Q9XAC5 (EMBL:AF001515) (318 aa) fasta
 scores: E(): 1.6e-18, 35.45% id in 189 aa, and weakly to
 Lactobacillus delbrueckii integrase/recombinase orf2
 TR:Q48538 (EMBL:Z50864) (333 aa) fasta scores: E(): 6.3,
 28.88% id in 90 aa, and to Bacillus thuringiensis
 reolvasase tnp1 SW:TWRI_BACTU (P10020) (284 aa) fasta
 scores: E(): 8.5, 23.88% id in 180 aa"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="Integrase/recombinase family protein"
 /protein_id="CAD30067.1"
 /db_xref="GI:21685414"
 /db_xref="GOA:Q8KNX3"
 /db_xref="InterPro:IPR004107"
 /db_xref="UniProt/TREMBL:Q8KNX3"
 /translation="MSKNINLEETLAPSAVLIKRGKOSTIKRYAVDIQFYKRLA
 NKLHLHKSNSSELSADYQTFSELEKRYKSQTRRIRIWKHLHFLICTVSPLOG
 INLSLIPDQSLNDPFTTEWBEKLIKQTVLSTKLTROQAKTRPLINDRNCITNLV
 NYGLSLQELVLSNLSHINFARNIWCYVKIIDLNRDILFYQQLSIVAFHRTSF"
 complement(4985..5251)
 /gene="Pto005"
 /note="HMPfam hit to PF02899, Phage integrase, N-terminal
 SAM-like domain"
 complement(5283..5286)
 complement(5364..5507)
 /gene="Pto006"
 complement(5364..5507)
 /gene="Pto006"
 /note="Similar to Bacillus anthracis ptx1-17 TR:Q9X2Y8
 (EMBL:AF065404) (47 aa) fasta scores: E(): 2.1e-12, 68.08%
 id in 47 aa"
 /codon_start=1
 /transl_table=11
 /product="putative integral membrane protein"
 /protein_id="CAD30068.1"
 /db_xref="GI:21685415"
 /db_xref="UniProt/TREMBL:Q8KNX2"
 /translation="MAVLKDSNYIEMNTYIEIGFKGIEMGLIFVVPFWSIMATFTW
 LCK"

```

misc_feature      complement(5370..5435)
                  /gene="pbc006"
                  /note="1 Probable transmembrane helix predicted for pbc006
                  by TMHMM2.0"
RBS               complement(5515..5519)
                  /gene="pbc007"
                  /complement(6451..8160)
                  /gene="pbc007"
                  /complement(6451..8160)
                  /note="pbc007"
                  /note="Similar to Bacillus anthracis pcol-16 TR:Q9X2Y7
                  (EMBL:AF065404) (569 aa) fasta scores: E(): 0, 96.13% id
                  in 569 aa, and to Bacillus thuringiensis pcol orf16-like
                  protein TR:CA50562 (EMBL:AJ226638) (310 aa) fasta scores:
                  E(): 6.5e-122, 99.67% id in 310 aa"
                  /codon_start=1
                  /transl_table=1
                  /product="conserved hypothetical protein"
                  /protein_id="CAD30069.1"
                  /db_xref="GI:21685416"
                  /db_xref="UniProt/TBMBL:Q8RNX1"
                  /translation="MKSFLIQNRSINGKTTAAVVVTLKSWKFPVAFEEKYKYKD
                  TYLEDILQHTYERLADVGFVYKAPSPSRMSTLAKRTGKHLYGITNADLEV
                  FLVHKKCTNGVLPNTVIMHMEDEKQYKEEFYIOHSQFYALKLNLHNTISIN
                  GLDGRYTIKLTFFMNEETEKANPVVYISPIVITDOPFKLSIAAKFLIDIAHQHET
                  TLKSLDKODERGRKRGCMYREIAHKYVHQIRAVIEELTALPCGNLPRICRQ
                  KGVKTKRITTYLISHSDFLCSKEASBQHPFTRKATYARAKTEAVLEMNIG
                  ELSADNKRFLHVKYTCRQIRSVIRGLRWDRKEGYPRKIVYTLKLAHQSYOI
                  LDTAKKEGIYPLAQHLPKERNSDREQAVRFGLHMYLHNIKRMFKVHMLKOK
                  FAVPTVEEYRYNLAKYQETLPRKVAVDQVNLHAYIALEIREKELKRGKHERI
                  PSVREWFIEIDKLPOEKLRIEELPRQNLIERFEEELVRAGVITITAPDVLHNM
                  EIK"
RBS               complement(8168..8173)
RBS               8947..8951
gene              8959..10653
                  /gene="pbc009"
                  /gene="pbc009"
                  /note="Similar to Bacillus anthracis pcol-14 TR:Q9X2Y5
                  (EMBL:AF065404) (564 aa) fasta scores: E(): 1.6e-191,
                  16.0% Score 334.6; DB 1; Length 127923;
Query Match      Best Local Similarity 53.9%; Pred. No. 1.2e-36;
Matches 858; Conservative 0; Mismatches 695; Indels 38; Gaps 7;
QY 499 TATATAACGCTATTACTACTATTATGCGCAAGCTGTAATTTTCAATTAAATTTATTA
Db 95925 TATAACACTACTAGATATATCTAGTTATGCAACAGCAACCACTTACATCTGATATTA
QY 559 CAATAAGTCTGTAATGCTGATGATGAAATGCAATATACATCTCTTCACAAAATTGAA
Db 95865 AATCAAGCCGCAAAATTTGAAGCGTATTTAAAAAACAATCGAATTCGATTATTTAGAG
QY 619 CCTAATCTGGACATCATGATGATCTATTAATACTTTTAAAAAGAAATATCTTAATAT
Db 95805 CCTTTGCC---AACAAGCAATTGATTTATTTATTCAGTATTTGACTAAGCTATGAAGATTAC
QY 679 AGTAATATTGTGCAAAATCTCTATAGAGAGAACTAAATTAACCTTCGAAACGAACCTAAT
Db 95748 ACTAATATTGTGTAACTTATTAATAAAGAGATTAAATTTAATTAAGAGAGCCGAT
QY 739 ATGAGATGAGATATTTAATGATTTACGAAGATATATGACTATTAATCTGATTTAGATACT
Db 95688 AGTAATCTTGATGAAATATTAATTAACGTGAACACATACATACATACGTAACAAATATGACT
QY 799 ATGCTCAATTTTCTTTTATGATATATAAGATATCAAGATTCATAGAGAAAGATAGT
Db 95628 ACTGCTGATTAATGATCTTTGTCACCTCTTTCTTAATTAATGATAGTAAATATATCCATA
QY 859 GGCATTAAAACTGAACTTACAAAGAAATTTATACAACGTAATTAATTTTGAACCGCTCTT
Db 95568 GGTGTCAATCTGAACCTTACTCGAAGAAATTTAT-----CAGGTATCTTAACCTTGAAGA
QY 919 ACTTACTTGAATTCACCAACCAATCTGCTATTAATGAAATATTAATTTAACAACGTTGAGG

```

```

Db 95515 AAGCCCTTAATTAATTAATTAATGACTTCAATATCAAGAGATTGCACTTACGTAAGCCGA
QY 979 CTTAGATTTATTTTCAATTTTATGATGAACTATTTTATATACAAAATAATGAACGTACGGG
Db 95455 TTATTTACTTGGCTTGATTTCTTTGAATTTTATGAAAAAGCCAAACTATCTTAATTA
QY 1039 AATCGTTAGTGGTATGCGAATCGTAATGATCTACTT-ATGCTACGACAGAACTGA
Db 95395 TTTTTCACAGCCATTATTAATATATGTTTCACTTATACACACTTGAATTAATATCCAAAATC
QY 1098 AATTAATATGAGAAAGAAACAGTCCACCCACAAACAAAACCTTAATACATTTGAATC
Db 95335 TAGGTGTTTTGGAAACACAAATGTAATGTAATTAATTAATCTTGTTGGCAACAA
QY 1158 CTATTAAGTTTCAATTTGTAATCTGATGACAGATTAATCTCTACTTCCCTTTTCTTAACAT
Db 95275 TATTTATTTTATTTTATTAATATGTCATTAAGCTTATTAATTAATATCTTAATATTA
QY 1218 ATACTTACATTAATCAAAATGGAACCTTAATTTAAATTAATCACTTAATTAATTAAC
Db 95215 TAATATTAATGAATGATTTTATTAATCTAATGCTAGACTTTGGAGAAAGAACT
QY 1278 ATATGAGCTGGGGGAATTTATCTAATGATATAAAGAACTGATTTCAATTCCTGT
Db 95155 TACAGAGATCTGGCAATTAATCTTAATGATTAATTAATTAATTTTGGGTTACCAAT
QY 1338 AAAAAAGACTGTAACCAATTAATTAATCAAAATGTTTACCAAGCTATTAATGATTAAG
Db 95095 TCTTAAACGAAGAGAAATCAAGAAACCTTACCTTTTCCAACTATGATACATTAAG
QY 1398 TCATATTTATCCAGATTTCTTTATTTATTAATTAATTCCTTAATTAATGATTAAGCGTAA
Db 95035 TCATATTTATCAATTATTAATTAATGAAGCTTATGATCCC-----TGCAACATA
QY 1458 TATATTAATACAGGTGCAATTAAGATGACACACAGTATGTTAATAGAAATATGCAAT
Db 94990 TAAACTCAAGTATACGTTGCTTGAACACCTGATGTTGAATCCTAATAATCAAT
QY 1518 ATCAGATTAATTAATTAATTAATGATATCCCAATCAAAAGGTAACAGCTTGATTAACAATC
Db 94930 TTATACACTTTATTAATCAACCAATTTCACTGATTAAGAAAGGAATTCATCTGGAGCTTTC
QY 1578 TAAGTAATTAAGAACTGTGTATACAGAGAGAACTTGTTATTTAACAAGTCAAG
Db 94870 TAAGTTGTTCAAGGACCTGTGTATACAGAGAGGATTAATGATTTCAAGATCA---
QY 1638 GCGTTTATGATTAATGATTAATGAACTCTTAATTTCTAACAATCTTATTAATGATTCG
Db 94813 ---TTTCAAAATTAATGATTAATGAACTCAAAATTTTCAACAATCGTATTTTAAGAAATTCG
QY 1698 ATAGCTACAAATGATGCTGGAATATCTCTCTTAATATATCTTACAAATACAGAGAT
Db 94756 TTATGCTTAATGATGAGGCAATATCTGAGCTGTTATTAATCTTAATATCCAGGGGT
QY 1758 AATAGAAATACCACTCAACGACTCAACAAACATTTTCTGTGTAATTAATTAATTAATTT
Db 94696 AGCAGAACTG---GGTATGCACTCAACCCACTTTTCTGTGTAAGATTAATGCAATTT
QY 1818 ACAATACGAGATTTTGGGTATTTCCAAATTTCCAAATGACATTAACCTTAAATG
Db 94639 AAAATATTAAGATTTCAAGTATTAATTTCTAACAAGGTGAATTTGCTCCAAATCA
QY 1878 AAACATCACTTAATTAATTAATGTCAGATGAT---CAAAATCAATTTTATCAATGA
Db 94579 AAACATATCTCTGTGTTTATATGTTTCGATGATATACAAACACAAACGATCTTAATGA
QY 1935 TAAATTTGAATTTATACAAATTAATCTCTCTGTAACCAAAATAGAGAAACCAAAATTT
Db 94519 TAAATTTGAATTTCTGCAATTAATCTGTTCTAATGAAGAGATTAAGAGAAACCAAAATTT
QY 1995 AGAACTATTCAAACAAAATTAATATCAATTTTCAAAATCATCAAAAATATCTTTAA

```

Db 94459 AGAAGACGTACACAAATTAATTAATACATTTTANGCAATCTTATTAATAAAACACTTACA 94400
 QY 2055 TATAGAGCCCAACACTATGATATGATTA 2085
 Db 94399 ATCAGAACTTACAGATTATGACATGATCAA 94369
 RESULT 10
 BTH251977
 LOCUS BTH251977 6009 bp DNA linear BCT 22-DEC-2001
 DEFINITION Bacillus thuringiensis subsp. medellin cry29a gene for Cry29aA protein.
 ACCESSION AJ251977
 VERSION AJ251977.1 GI:17977978
 KEYWORDS cry29aA gene; Cry29aA protein.
 SOURCE Bacillus thuringiensis serovar medellin
 ORGANISM Bacillus thuringiensis serovar medellin
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.
 REFERENCE 1
 AUTHORS Delecluse, A. and Orduz, S.
 TITLE Characterization of two new mosquitocidal toxins, Cry29A and Cry30A, from Bacillus thuringiensis medellin
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 6009)
 AUTHORS Delecluse, A.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (22-DEC-1999) Delecluse A., Bacteries & Champignons Entomopathogenes, Institut Pasteur, 25, rue du Dr Roux, 75724 Paris Cedex 15, FRANCE
 FEATURES
 SOURCE location/Qualifiers
 1..6009
 /organism="Bacillus thuringiensis serovar medellin"
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="163-131"
 /sub_species="medellin"
 /db_xref="taxon:79672"
 /country="Colombia"
 642..2594
 /gene="cry29aA"
 642..2594
 /gene="cry29aA"
 /product="Cry29aA protein"
 /protein_id="CAC80985.1"
 /db_xref="GI:17977979"
 /db_xref="GOA:Q8VNX2"
 /db_xref="UniProt/TREMBL:Q8VNX2"
 /translation="MNSFQNKREYELIAPSSINIPNNYSKYPIANTLQNTONTYKDMTNMCAIDNNLKNISNPFANLQNSIVGLFALPAALASLSAPITGTSIAAGTALAALIPILPMSQENNLPDGLAISLSEATLVSFQDQVRBDALRLSLDSGVYFNAPFTFWNNPNSNTTTRRQROVNRFPVSGMAFPRAKNTPELILSTVYAOAARLHLMDGITTAERKNLSRGDDMDPDGLLYKERNKYCNREYERHCTKYNESLSLKSIGANWLEKNOYRTFLASVLDVLSLSSTDPRLYKERLSVEILRLYDPIYNHGISLADSEKYTELEPLTQLYTLTFYSNIYFNMGHTNTRYLSPKIFERSEFGQSSYIDRPVYPNDKSIYIKIRAYNNHNGLFNVMYFGFMDGKDOIKIKIGSSTEIYIKNTHRLAVISHDLDEKNKCYFAWTSSTISLENIKNDIITQIPAKVQLGVQSOVIGPGHTGDLINKSNDYLRISCOHLSNVTKKYFVIRATNGSLNTRPIINITIPGMPOGMVDNTBSGTSNIEYONRGYKFLKXYTLANPNOSISLTINRSQNSNLSLLDRIFLPIPTSIKRSKQONLEKQNTVKNLFFN"
 ORIGIN
 Query Match 10.6%; Score 221.8; DB 1; Length 6009;
 Best Local Similarity 65.2%; Pred. No. 6e-21;
 Matches 376; Conservative 0; Mismatches 192; Indels 9; Gaps 3;
 QY 1473 TGCATTAGAGACACACAGTAGTGTTAATAGAAATATGCAATATCAGATAAATAT 1552
 Db 2027 TTCTTTGACATGACATCTACTACAAATTTCTTGAATAATATAAATGATATAT 2086

QY 1533 TACATGATCCAGCAATCAAGGTAAACGCTGTATACAACTCTAAGTAATGAGG 1592
 Db 2087 CACCAATCCCTGCTGTATAAGCTTATCAATTAGGTGGAATCAAGATTTAAAG 2146
 QY 1593 ACTGTGATCAAGAGGAACTTGGTTATTACAAGTCAMGGCGTTAGATTAAC 1652
 Db 2147 TCCAGGTCAATACGTGTGAGACTTAATTAATTAATCAAAATGATTTACGTATATC 2206
 QY 1653 ATGTAGA---ACTGCTAATCTACACAACTCTATATTAATGACTTGATAGCTACAAA 1709
 Db 2207 ATGTCAACACTTATCTAATATGTTACAAAATAATTTGTAGAAATGCTACGCTACAAA 2266
 QY 1710 TGGTGTGAAATACCTCTCTAATATATCTCTTACATCAACAGAGTAATAGAAATACC 1769
 Db 2267 TGGTCTTAATATCTAGAGCCCTTAATATATTCATTCGAG---ATGACACACA 2323
 QY 1770 ACTCAACGACTCAACAACTTTTCTGTACAAATTAATTAATTAATTAATCAATACGAGA 1829
 Db 2324 AGTATAGTACTCGATATATCTTTTCTGTACAGTTATAGCAATTTAGAAATACAAA 2383
 QY 1830 TTTTGGTATTTCCAAATTTCCAGTACATGATACATTCCTTAATGCAATACCAT 1889
 Db 2384 TTTTGGCTATTAAGAAATTTCTAAAGAGTAAACCAATGCAAGTATATCTCT 2443
 QY 1890 TATATTAATCGTGCAGATGA---TCAATTCAAATTTTATCATGTGATAAATGAAAT 1946
 Db 2444 TACATTAAATCGTCTCTATCAAAATTCAAATTCATTTTACTCTTATAGATTAAT 2503
 QY 1947 TATACCAATTAATCTCTCTGTAGCCCAAAATAGAGAAAACAAATTAAGAACTATCA 2006
 Db 2504 TCTACCAATTAATCTCTCTATAGAAAAGTAAAGAACAAATTAAGAAAATTA 2553
 QY 2007 AACCAAAATTAATTAATTTTACCAATCATCAAAA 2043
 Db 2564 GAAACCGTAAACAAAGTTATTTTCAATTAATAAATA 2600
 RESULT 11
 DQ078744 434 bp DNA linear BCT 11-JUL-2005
 LOCUS DQ078744
 DEFINITION Bacillus thuringiensis strain LDC-9 cry4A insecticidal protein (cry4A) gene, partial cds.
 ACCESSION DQ078744
 VERSION DQ078744.1 GI:68348768
 KEYWORDS Bacillus thuringiensis
 SOURCE Bacillus thuringiensis
 ORGANISM Bacillus thuringiensis
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus cereus group.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 434)
 AUTHORS Mahalakshmi, A., Sujatha, K. and Shenbagarathai, R.
 TITLE PCR analysis and molecular characterization of cry4A gene of indigenous Bacillus thuringiensis LDC-9
 JOURNAL Unpublished
 AUTHORS Mahalakshmi, A., Sujatha, K. and Shenbagarathai, R.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-MAY-2005) PG Department of Zoology and Research Centre, Lady Dook College, Chinnachockikulam, Madurai, Tamilnadu 625002, India
 FEATURES
 SOURCE location/Qualifiers
 1..434
 /organism="Bacillus thuringiensis"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="LDC-9"
 /db_xref="taxon:1428"
 <1..>434
 /gene="cry4A"
 <1..>434
 /gene="cry4A"
 /note="cry4A delta endotoxin; contains putative conserved domain of delta endotoxin"
 /codon_start=1

```
/transl_table=1
/product="cry4A insecticidal protein"
/protein_id="AAV96321.1"
/db_xref="GI:68348789"
/translation="SSLSNPOOSYFIRIRVANSNGSANTRAVINLSIPGVAELGMALNPT
FSGDPTNLYKPOYVLEPSNEVAFAPNOMISLVPNSDYNTTTLVIDIKIEPLPITR
SIRDRERKQKLETVQQLINTFVAMPINLQSELTVDIDGG"
```

ORIGIN

```
Query Match      9.7%; Score 202.8; DB 1; Length 434;
Best Local Similarity 70.2%; Pred. No. 6.2e-18;
Matches 302; Conservative 0; Mismatches 122; Indels 6; Gaps 2;

QY 1659 AACTCTTAATTCACACATCTTATACATTGACCTTGATACCTCAAAATGCTGCTG 1718
DB 3 ATCACTCAATTTTCAACATCGTATTTTATATAGAAATCGTATGCTCAAAATGGAAGCGC 62

QY 1719 AAAATCTTCTCAATATATCTTTACAAATCCAGAGTATAGGAATCCACTCAACG 1778
DB 63 AAAATCTGAGCTGTATTAATCTTATGATCCAGGGG--TAGCAGAACTGGGTATGGC 119

QY 1779 ACTCAACAACACTTTTCTGAGTACAAATATATATATATTAACAATAGCGAGATTTGGGTA 1838
DB 120 ACTCAACCCACTTTTCTGAGTACAAATATATATATATTAACAATATTAAGATTTTCACTA 179

QY 1839 TTTCAATTTTCAAGTACAGTACATTACCTTTAAATCGAAACATACCATTATATTTAA 1898
DB 180 CTTAGAATTTTCTCAACGAGGTGAATTTGCTCAAAATCAAAACATATCTCTTGTTAA 239

QY 1899 TCGGCAAGATGTAT--CAAATTCATTTTAATCATGATGATTAATTAATTAATTAACCAAT 1955
DB 240 TCGTTCGAGATATATATCAACACACAGTACTTATGATTAATTAATTAATTTGCGCAAT 299

QY 1956 TACTTCTCTGTAGCCAAATATAGAGAAACAAATTTAGAACTATCCAAACAAAT 2015
DB 300 TACTCGTCTATATAGAGATAGAGTAAGAAACAAATTTAGAAACAGTACACAAATAT 359

QY 2016 AAATACATTTTCAAAATCATACAAATAATATCTTTAAATATAGAGCCAAACTATGA 2075
DB 360 TAAATACATTTTATCAAAATCTTATTAATAAACACTTTCATCATCAAACTTACAGATATGA 419

QY 2076 TATGATTA 2085
DB 420 CATGATCA 429
```

```
RESULT 12
AF285775      4959 bp      DNA      linear      BCT 16-AUG-2000
LOCUS      Bacillus thuringiensis subsp. finitimus parasporal inclusion
DEFINITION      protein Cry (cry) gene, complete cds.
ACCESSION      AF285775
VERSION      AF285775.1
KEYWORDS      GI:9828609
```

```
SOURCE      Bacillus thuringiensis serovar finitimus
ORGANISM      Bacillus thuringiensis serovar finitimus
Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
cereus group.
1. (bases 1 to 4959)
Moore,G.D. and Debro,L.H.
Cloning and Analysis of a Gene for Exosporium Enclosed Cry Protein
of Bacillus thuringiensis subspecies finitimus
Unpublished
2. (bases 1 to 4959)
Moore,G.D. and Debro,L.H.
Direct Submission
Submitted (07-JUL-2000) Biology, Jacksonville State University, 700
N. Peiham Road, Jacksonville, AL 36265, USA
```

```
FEATURES
source
1..4959
/organism="Bacillus thuringiensis serovar finitimus"
/mol_type="genomic DNA"
/sub_species="finitimus"
```

```
/db_xref="taxon:29337"
gene      1128..4514
/genes="cry"
CDS      1128..4514
/genes="cry"
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="parasporal inclusion protein Cry"
```

```
/protein_id="AA000235.1"
/db_xref="GI:9828610"
```

```
/translation="MDKINKKGVSTEVNSISIPNPEVDSQVAVASAGIVVGT
ILPAFSPNPGVLLISFETLAPVLMPPDEEPKTIWSQFMHGBLNMQTLSTAKE
IALAHNGKPDVLYTERAFNDWKRNPANTRALVSQRENAHFNVSMPOLQETPY
DTLLSCYTEANLNLNLHQCVOFADQNAOQPSPMKSGSYDELVLVLEKIN
YCKTHKGLNKLKSEKLTMDVYNTYRREMTLLVLDLVAPEFVDIRFPGVELEL
TREVVYSLDPGMLNGPIPEIDPSYDELHDPGLFTMLSDILEYTESVAGDYLVS
IRESKYTNQNPFTMKNIYGNRNRLSKQITLLPGEFTIHSINSGFOTIAGINLVS
LLOKIVFTTFKDNERTOKNPNVNNQNEPDTNTYPPDVGSNSQKFNLSHPPLTH
QVEFAVPSHSIFALGWTNHSVNSQNLISVSSTQIPLVAVAYVTNVSIRGPGFTGD
LIELRDKCEIKCKASLKKYALSLPYANNAALVSLDVGDSAGVLLQPTFERKGNIN
FTIIDLNTKDPQVHTLVDIELPESEIEIHLKREDDYEEGYLLIDKLEFPIDENY
TNEMNLKAKKANVPLFINATNALKMDVTDHIDOVANLVEGISDLYAKKIKLHA
IKPAKOLSOARNLSDPNPNMNAEMSTANTGVTTIEGDPYKRAIOLSAARDNF
PTLYVKIDESLKEPTTRQLQPGFBSGDELDIVRYGATTIWNAVPEDLTISLTA
PINPCEIESTRDLDTGALDRCKQSYVSADVPDQVNDGPHAFSPHIDRGTIDNN
RNLGIWIKIATPDDVATPFGNLELEIPLESIGELAQVOREKQKRVTKREBA
KLVAAKQTIQNLFDASQGTGKLPDTEFSNLIISADKLVIKIDVSEVSLPGLAYD
LMELEENRIONAIDLVDANVTYNGEFRGLANMMASSTEVROJODTSLVLSWNA
OVAOSLNVKPDHGVLYRVTAKKEGIGNGVYTLIDCANHIDTLTLPSCDSGFTSSNEL
AAVYTTLEIFPDITDQIRIEIGETBTFTVESVDLRMED"
```

ORIGIN

```
Query Match      9.2%; Score 190.8; DB 1; Length 4959;
Best Local Similarity 49.5%; Pred. No. 9.6e-17;
Matches 958; Conservative 0; Mismatches 852; Indels 126; Gaps 13;
```

```
QY 153 AGGTCTATTAATATATCTTTTGTACCTTAATCACTGCTTTTGGCCGGAGACA 212
DB 1292 AGGTGTGTACTATATATCTTTGTACCTTTGGCTCCGCTCTTTTGGCTGATCCAGAGA 1351

QY 213 AGA---CAAAAGCTATGACACAAATTTAATAAGGAGAAATTTTGTGATACAC 269
DB 1352 AGATCCAAAATAATTTGTGACAAATTTAAGAAACGAGAGAACCTTTTAATTAAC 1411

QY 270 GTTAAGAAAGCATATAACAGCTAAGTTACAACTTTAGAGATTTAGACAAATAT 329
DB 1412 AATTCTACAGCTGTAAAGAAATATAGCATTAAGTCATCTTAATGTTTAAAGATAT 1471

QY 330 ACAAGCTATATATACGATTTAGATATGAGAAATTAATAAGACTACAGCTCTTG 389
DB 1472 AACGTACTATGAAGAAGACTTTATGATGAGAAATCCAAATGCAAAATCTGCCAG 1531

QY 390 ATTACACACATCATCAGCATTTACACACAGCTGCTTGACTCTTAATAATAGATTAGAA 449
DB 1532 ATTGTRATCACA-----GATTTAATAA 1555

QY 450 TGTTCACAAATGATTTTATTCAGAAATACCTGTTTCAACTGAACTTAATAAGCT 509
DB 1556 CGCTCATTTCAATTTTGTAAAGCAATATGCACACCTCCAACTTCCACGATACACATT 1615

QY 510 ATTACTACTATTATATGCGCAGCTGCTAATTTTCAATTAATTATTTACACAGGTGC 569
DB 1616 ATTATTAAGTGTCTATACAGAAAGCTCAAAATTTACATTTGAATTTATCATCAAGTGT 1675

QY 570 TGAATGGCTGAGATGAGAAAGCAATATATACCTCTTACAAATGAACCTAATGCTGG 629
DB 1676 ACAATTCGGGATCAATGAGATGAGATCAACACATATACCAAT-----GTTGAA 1726

QY 630 AACATGATGACTATATAAATTTTAAAGAAATATACCTAATATATATATATATATAT 689
DB 1727 GTATATGAGTACTTATTAAGACAGCTATTTGATATATATGAAGATATATATATAT 1786

QY 690 TGCAAAATACCTATAGAGAAAGACTAAATAAATCTTGAAAGAACTTAATATGATGAG 749
```

```

Db      1787 CACCAAGCATRCCATAAAGATTGATACCTTAAAGATCAAGAAAATCAATGGGA 1846
Qy      750 TATAATTATGATTAATGAGATATATGACTATTAATCTGATTAATCTATCGCTCAAT 809
Db      1847 TGTCTATACATATGCTGAGAAATGACCTTAATGTATGATCTTGTGCGAACTTT 1906
Qy      810 TTTCTTTATATATTAAGATACAAAGATTCAATAGGAAGATAGTGGCATTTAAAC 869
Db      1907 TCTCTTTATATATATGATGCTGCTT-----TTCGAAAGAGATGAACCT 1948
Qy      870 TGAATTAACAGAGAAATTTATACAACTGAATTAATTTGACCGTCTTACTTCACTTGA 929
Db      1949 AGAATTAACAGAGAGGTTTATACAACTTTGATCCACTGTTTAAATGCTGGCCCAAT 2008
Qy      930 AATTAACCAATCTCGCTATATGGAATATATTTAACAGCTTCAGGGCTTATGATTAAT 989
Db      2009 ACCAAGAAATGATTTCACTTATTTGGAAGATCATTTTACAGACCA---CCAGGGCTAT 2065
Qy      990 TTTCAATTTTATGATGACTTATATTTTATACAAAATGAAAGATCGGGAATCGTTTACT 1049
Db      2066 TACTTGGCTGTCAATATATGATTAATACAGAGAGTGTGCGAAGGCGATTAATTAATC 2125
Qy      1050 TGTATTTGCAATCGTATATGATCTTATGCTACGACAGGAATGAAATTAATATATG 1109
Db      2126 AGGATTTGAGAGCTTAAATTTATATCTGCT-----AATCAATTTTATTA 2169
Qy      1110 AGAAGAACAGGTCCACCCACAAACAACTTATATACATTTGATGATCTTAAAGTTTC 1169
Db      2170 CGATGAAAAATATTTATGATTAATCAAAATGATTAAGTAAGAGCTATTCATTAATATAC 2229
Qy      1170 AATGTAATGATGACAGTACTCTTATCTTCCCTTTCCATAATATCTTATTAAT 1229
Db      2230 CAGGCGAATTTATCACTCACTTAAGCATTAACCGGTGTTTCAAAATATAGCTGATATA 2289
Qy      1230 TAATCAATTTGAACCTTTATTAATTAATCACTTATGATTAATTAATTAATTAATGACG 1289
Db      2290 ATTAATTTATACGTTTATTAATCAAAATCGTATTAATCAACTTTTAAACGATATGAT 2349
Qy      1290 GGGGAAATTTATCTATGATTAATAAAACAACTGATTTTCAATTTCCCTGTAATAAAAG 1349
Db      2350 ATCAAAAAATTTTATATGATTAATCA-----AATGAACCTCAAGAAAC 2395
Qy      1350 TAAACCAATTTATTAATCAATTTGTTTACAAAGCTATATATGATCATATTTATTC 1409
Db      2396 TACAAACTATCTATGATTAATGAGTGTCAACAGCCAAATTAATCAAACTAATTTATC 2455
Qy      1410 CGAGTTTCTTATTTATTAATCTCTATTAATGATGATGAGGCTAAATTAATTAATAC 1469
Db      2456 TCAATTTTCAATTAATCA-----CCACCAAGTATGATTTGCTGATATTTTCACTTAT 2509
Qy      1470 AGGTGATTTAGATGACACAGATGATGTTTATTAATGAATATATGCAATATCAGATTAAT 1529
Db      2510 ATTTGATTTAGTGTGACACAAATATGTTAAATCTCCAAATTTAATATGAAAGTGT 2569
Qy      1530 AATTAATATGATCCAGCAATCAAAAGTAAAGCTTGAATCAAACTTAAAGTAAATGA 1589
Db      2570 GAGTACAAATATCCATTTGTTAAAGCTTACAAAGTATCAATCA---GTTATTAAG 2626
Qy      1590 AGGACCTGCTATACAGAGAAATCTGTTTATTTACAAAGTCAAGGCGTTTGAAT 1649
Db      2627 AGGACCAAGTTTAAAGGTTGATTAATGAACTGTGATTAATATGTTCTATTAATATG 2686
Qy      1650 TACATGTAATCTCTTAATTTTACAAATCTTATTAATTAATGATCTGATACGTTACAA 1709
Db      2687 TAAA-----GCTAGTTCTTTTAAAAAATATACCTTAATGATTTTATGCTGAAA 2737
Qy      1710 TGTGCTGGAATATCTCTTCTTAATATATCTTACAAATCAAGAGATTAATGGAATAC 1769
Db      2738 TAAAGCAATATGCTGATCAATAGACGTAGGTATTTCCGAGAGAGATTTCTATTCACAC 2797
Qy      1770 ACCTCAAGACTCAACAACATTTTCTGCTCAATTAATTAATTAATTAATCAATACGAGA 1829

```

```

Db      2798 TACCTTTCTAGAAAAAGGAACAATAATTTTACAAATCAAGAC---CTTAATTAAGA 2854
Qy      1830 TTTTGGGATATTTCCAAATTTCCAGATACAGTAACTTACCTTTAAATGGAACATACCAT 1889
Db      2855 TTTTCAATATCAATACCTTTTATGATTAATGATTAATCCGAAAGTGAAGAAATTCATAT 2914
Qy      1890 TATATTAATGCTGACAGATGATCAATTTCAATTTTATCATCTGATTAATTAATTAAT 1949
Db      2915 CCATTTAAGGCGAGAGATGATTT---ATGAGAGGAGGTGATTTCTTTAATTTGATTAAT 2971
Qy      1950 ACCAATTAATCTCTCTGTAGCCCAATATAGAAAAACAATAATTAAGAACTATCAAC 2009
Db      2972 AGAGTTCAACCTATATATGAAATTAATTAATTAATGAAATTAATTAAGAGCAAGAA 3031
Qy      2010 AAAAAATTAATCAATTTTTCACAAATCAACAAATAATCTTAAATTAATTAAGCCACAA 2069
Db      3032 AGCAGTAATGATTAATTTTAAAC---GCAACAAAGCTTTGAAAAATGACGTACTGA 3088
Qy      2070 CTATGATTAATGATTA 2085
Db      3089 TTATCACTGATCA 3104

RESULT 13
AB125059
LOCUS      AB125059      3752 bp      DNA      linear      BCT 28-OCT-2003
DEFINITION Bacillus thuringiensis serovar entomocidus cry30Aa like gene for
              putative mosquitocidal toxin and hypothetical protein gene,
              complete cds.
ACCESSION  AB125059
VERSION    AB125059.1 GI:37999233
KEYWORDS   Bacillus thuringiensis serovar entomocidus
SOURCE     Bacillus thuringiensis serovar entomocidus
ORGANISM   Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
              cereus group.
REFERENCE  1
AUTHORS   Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Bando, H. and Asano, S.
TITLE     Cloning and Expression of Novel Crystal Protein Genes from Bacillus
              thuringiensis subsp. entomocidus INA288
JOURNAL    2 (bases 1 to 3752)
REFERENCE  2
AUTHORS   Ikeya, T., Yamaya, K., Ito, T., Sahara, K., Asano, S. and Bando, H.
TITLE     Direct Submission
JOURNAL    Submitted (24-Oct-2003) Tomonori Ikeya, Graduate School of
              Agriculture, Hokkaido University, Department of Applied Bioscience,
              Kita-9-jo, Nishi-9chome, Kita-ku, Sapporo, Hokkaido 0608589, Japan
              (E-mail:ikeyan@bs.agr.hokudai.ac.jp, Tel:81-011-706-2487 (ex.2487),
              Fax:81-011-706-2487)
FEATURES   Location/Qualifiers
            1..3752
             /organism="Bacillus thuringiensis serovar entomocidus"
             /mol_type="genomic DNA"
             /strain="INA288"
             /serovar="entomocidus"
             /db_xref="taxon:1436"
             1..2052
              /gene="cry30Aa like"
             1..2052
              /gene="cry30Aa like"
              /codon_start=1
              /transl_table=11
              /product="putative mosquitocidal toxin"
              /protein_id="BAD00052.1"
              /db_xref="GI:37999233"
              /translation="MNPYQKTEYEIIDLALPNYSNMVAYSRYPALANNPOVPLONTSY
              KDWLMGOTINPLCTPINIDISLAASIAVAAGSIALIPGGAIVGLGTFSTLPI
              LMPGERTKWDPAERGLQEPRLGDALEIIVTGVKSCYNALKNMNEPQAFYTK
              KGNTRSNABQVINDPDSVRDKVIDLKNQDININENKPAFINLQAQTNILITQKQ
              AVYDDWEKIDINGSISPWESKDYBSLTKIIBSYTIRYKCATYNSNINLKNKNSIS
              DTYNKYRREATLGAIDLVALEPNYDMLYPAATCTBELTKIYMSFGIQSGNSYQOSL
              GLENALTHPBLFTWNLNMLYTVRENFNPLQVSSISGIGQARSRYONPTILNPAQ
              GVRNGTSTQIGLNNLFTVYKLSMSGYHHHPNDCSSJAGISDMTFYKSDVNGNSATQTVQ

```


CDS

```

AGRTNNVITFMNGPOKASSNNISIKQTHILSDIKMIFYRTGMYQYVDEKSYSA
WHTSVDPNLTIVPNRIITQIPAVFALISIDTSKVAKPVPFGGLLLKQATIRIT
DHANTRKIRVRSANNTPIVLSTLSPOTLITHTSTISLQKDFQVYTPFG
EFIMDKPSIDVAIRIGVONDRNDIWDIREFLPIQSVLADYEBQNIKSKQAVNDLEI
N"
2115..3752
/contig="ORF2"
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="hypothetical protein"
/protein_id="BAD00053.1"
/db_xref="GI:37999235"
/translation="MFTSGTRMKIKITTYEIRVANSTIENSDQHSQKMLNDE
VKAKQLSQSENLQNGDFEDLFSGWTSNMSIQSNATFKGYLWMSGARDIYGTI
FPYTIQKIDBSKLPYRRLVRFVSSKELELVNRKGLDITINVPNDIPIYPS
MPVCEVYDQEQQLSYNGNNGYVPMFVMSYTSDCQCPGKSHVQCDSDKFKH
IDGVEVYKTNLGIWLLKISSPDGVALNDLVEIEGSPGKALHVKKEKKNNH
MEKRMETKQAYDQAKQAVDAFLGKALHVDLTSQIKMANQVQSIPIYHNELPVP
PGMYDIYQELNARINQARYIYDARNVITNGDFTQGLQKMRBGRVQOQNGSLV
LSNMSGVSQMLHVOHHCQYLVRSARKEGKGKVTMMGCKNGKQETLTLTSCDGGM
TKIVEFTESDRVRIEIGETGSPYIESIELIMNGYTRKNNQMSNMVDOYSYNS
QNTSDMVQVYNNVEQHAGCTCNGYNNGCCTCNGC"

```

ORIGIN

Query Match 8.7%; Score 180.4; DB 1; Length 3752;
 Best Local Similarity 49.6%; Pred. No. 2.7e-15;
 Matches 766; Conservative 0; Mismatches 706; Indels 72; Gaps 9;

```

QY 500 ATAAACGCTATTTACTACTATTATGCGCAAGCTGCTAAATTTTCATTTAAATTTATAC 559
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 587 ATAAACCGCATTTATTAATCTTTATGCAAACTGCTAAATTTGATTTTATATATC 646
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 560 AACAGGTGCTGAATTTGCTGATGAAATGCAATATACCTTCCACAAATGCAAC 619
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 647 AACAGGCGCGATATGAGATGATGGGAAAAAGATATTAATGATC-----TATAT 700
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 620 CTATATGCTGAACATCAGATGATCTATTATTAACCTTTTAAAGAAATATCTAAATATA 679
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 701 CTCGGTTTGGGGTTCAAAAAGACTATTAATGATCTTTTAAACGAAATATGAAAGATATA 760
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 680 GTAACATTTGTCGAATACCTATAGAGAGAGCTAAATTAACCTGAAAGCAACCTTATA 739
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 761 CTATATTTGTCGAAGAAACATATGAAACAGTTTAATATCTCAAAAACCAACCAATA 820
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 740 TGAGATGAGATATTTAATGATTTATGAGATATATGATTAATCTGATTAAGATCTA 799
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 821 TCTCCTGGGATACGTATTAATTAATGATGAGAGAGAGCTTTGAGCATTAATTAAG 880
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 800 TCGCTCAATTTCTTTTATAGATATTAAGAGATCAAAAGATTCATATGAGAAATAGGTG 859
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 881 TTGCATTTATTCGAAATTAAGATGATCTTTATCCAGCAGCAACAAACGAACTTA 940
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 860 GCATTAACCTGAACCTTAAGAGAAATTTATACACTGAAATTAATTTTGAACGCTCTTA 919
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 941 CTGAAAAATTTATATGCAATCTTCGTTTACAAACATGCACTACTTTCAAAAGTCTAG 1000
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 920 CTTAACCTTGAATCAACCAATCTGCTATATGAAATATTAATTAACAGTTCAAGGCG 979
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1001 AAGGTTAGAAAAAGCACTTAACGATCGGCATCATTAATTAATTTA-----GGTT 1049
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 980 TTGATATTTTCAATTTTATAGATGAACCTATATTTTATCAAAAATGAAACGTAAGGGA 1039
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1050 AAACGAATTAACCTTTATACAGTAGCGTAAATTTTCAATCCAGCTTACAGGATCTTC 1109
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1040 ATCGTTAGTTGATTTGCGAATCGTATATGATTAATTTATGTCAGCAGCAACGAACTGAA 1099
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1110 ATGTGTGGTCTTCAAGCTAGATCTCGTATATCCCA-AAATCCACTATATCTTGATATC 1168
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1100 TTATATATGAGAAAGAACAGGTCCACCCACACAAACCTTTATATCAATTTGAATCCT 1159
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1169 CGGCTCAAGAGTCAGAAATGTCATCAACAAATAGGGTTAAATATACCTGTTTCTTT 1228
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1160 ATAAAGTTTCAATTTGATGATGACAAAGTAATCTCTACTCCCTTTTCTTAACATAT 1219
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

```

Db 1229 ATAAATATCAATGTCACATATATCATCCCAATGATTTAGCTCAATAGCTGAATTT 1288
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 1220 ACTTCAATTAATCAAAATGAACTTTATTTAAATTAATTCACCTAGTAATTAATTAAC 1279
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1289 CCGATATGACCTTTTATTAAGATTAATTAATGATTAATGATATGATGCGAACTCA---AACTT 1345
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1280 ATTCACTGGGGGAAATTTATCTAATGATTAATAAAAAACAATGATTTCAATTTCTGTAA 1339
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1346 ATCAAGAGGTAAACAAACAAATTAATGATTAATTAACA-----TTATGAATGGTCCAC 1399
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1340 AAAAAGACTTAACCAATTTATTAATTCAAATTTGTTTACCAAGCTTATATAGTTATAGTC 1399
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1400 AAAAAGATCAACCTCAAAATTAATTTTCAATTAACAAACAAAGCAATATATCTATCGATA 1459
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1400 ATATTTATCCAGTTTCTTTTATTAATTAATCTATTAATAAATGATTAAGGCTAAATA 1459
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1460 TTA-----AAATGATTAATTTTGGAACTGGCGGAATGACCAAGTAT 1501
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1460 TATTAATACAGGTGATTAAGATGACACACAGTAGTGTTAATTAAGAAATATGCAATAT 1519
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1502 ATGATTTGATATATCATTTGCTGACACATCTAGTGAATCCGTGAATCTAATTTG 1561
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1520 CAGATTAATTAATTAACATGATCCGAGCATCAAAAGTAAACGTCTTGATTAACAACTTA 1579
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1562 TTCCAAATGAATTAACAAATATCTGCTGTTAAAGCTTTGGGAATCAGTACGGAATTCAA 1621
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1580 AGGTAAATGAAGACCTGCTCATACAGAGAGAACTTGTTTATTAACAAAGCAAGGCG 1639
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1622 AATGTGGAAGAACCTGTTTATTAAGAGAGATTTACTCTTCTGAAATTAACAG--- 1678
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1640 GTTTAGAGATTACATGTAGAACTCTTAATTTCAACAATCTTAATTAACATTAAGACTTGCAT 1699
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1679 ---CAACATTAATTAATTAACAGATCAGCTTAACCTGTTATTAATAACGATTCGAT 1735
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1700 ACGCTCAAAATGCTGCTGGAATATCTTCTTAATATATCTCTTAACATTCGAGAGTAA 1759
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1736 ATGCTTCAATG-----CAAAATACCAAAATGTTATATCATCATTTAC 1777
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1760 TAGAAATACACCTCAACGACTCAACAACACTTTTCTGTAACAAATTAATTAATTTAC 1819
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1778 AAATATCATTAACAGTAGTACGTTTCCCAAACTTAATCTAATTAATTAATTAAGAGATTAC 1837
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1820 AATACGAGATTTTGGGATTTTCCAAATTTCCAGTAACAGTAATTAACCTTTAATTCGAA 1879
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1838 AATATTAAGATTTTCAATATGTAACATCCAGAGTAATTAATTAATGAT---AAGCAA 1894
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1880 ACATACATTTAATTTAATCGTCAGATGATCAATTCATTTTAATCATTTGATTAATA 1939
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1895 GTATTAATGTAAGCTATTAAGAGGTGTAACAAATGATGCAATGATTAATGATTAAGAA 1954
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 1940 TTGAATTTATACCAATTAATCTTCTGTCGACGCAAAATGAGAAAAACAAATTTAGAAA 1999
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1955 TTGAATTTCTTCAMATTAATCAATCTGTTATTAATTAATTAACAGAGAAACAAACATAGAAA 2014
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

QY 2000 CTATCCAAACMAAAATTAATTAATTTTCACAATCATACAAA 2043
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 2015 AATCACAGAAAGCGTGAATGACCTTTATGATTAATAACAAA 2058
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

RESULT 14
 AB193814
 LOCUS 3642 bp DNA linear BCT 28-OCT-2004
 DEFINITION Bacillus thuringiensis gene for Cry30-1-like, hypothetical protein,
 complete cds.
 ACCESSION AB193814
 VERSION AB193814.1 GI:54695304
 KEYWORDS
 SOURCE Bacillus thuringiensis
 ORGANISM Bacillus thuringiensis
 Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Bacillaceae; Bacillus; Bacillus
 cereus group.
 REFERENCE 1

AUTHORS Ohgushi, A., Wasano, N., Saitoh, H. and Ohba, M.
TITLE Identification and characterization of novel cry genes from
 mosquitto-specific *Bacillus thuringiensis* serovar sotto strain

JOURNAL Unpublished
 2 (bases 1 to 3642)

REFERENCE Ohgushi, A., Wasano, N., Saitoh, H. and Ohba, M.
 Direct Submission

JOURNAL Submitted (26-OCT-2004) Akira Ohgushi, Kyushu University, Graduate
 School of Agriculture, 6-10-1, Hakozaki, Higashi-ku, Fukuoka,
 Fukuoka, 812-8581, Japan (E-mail: ohgushi@bbs.kyushu-u.ac.jp,
 Tel: 81-92-642-3028, Fax: 81-92-642-3028)
 Location/Qualifiers

FEATURES

source

CDS

```

1..2067
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="Cry30-like"
/protein_id="BAD67157.1"
/db_xref="GI:54695305"
/translation="MNLYGNKNDSEILNASNSNGMSTYKPKYPLASHRODSMMNMY
KEMINOCETINTPCTPIQDPIQDINSVAATGATGALIALIPGGGAIGFVLSFSLIY
LMPSDTKKINGDPTKQGIQDFRPLGDAIEITGNDIOSEYNSIKTMQNPEDSFTW
KKYKRNATAVAVINDPSSVRDQIIRLKDRLIPENKPAFLILYAQNAEPLILYQSG
ALYADWENDINRSISPGLSKDYIISIAKIKETVYCAETKYMPSFGLQOSYQSLSE
GVNKKYREVEVLGALDLAALFPNDYICYPQOTELTRKYMPSFGLQOSYQSLSE
GLENALTHPELFTWMLNELNYTIRENPNPALVSSLSGLAISRYONPRISNPAQ
GVNKGTPQIIGLNLFYKLSLSQYHNPBCYSAGISDMTFYSQDNGNAPTOYQ
AGRSNNPINTFMNGPOBASNNISIKQTHILSDIKMYSRTGCTTPSIDFSTRA
WTHTSVNDLIVPNRITQIIPAVADYVTSAPKVIAGGHTGSDLVALLMATAAGM
QIQCKTSGFTGASRGYRIRYANNAITVSLSTVOGNTMSTTFILERTFLPNNT
IPTDLKKEEFKYEKYNQIITWTAPQNTIVITAIQNLAFPRDQIIRIEREYPMQCY
VPCVTN"
2182..3642
/gene="82orf2"
2182..3642
/gene="82orf2"
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="hypothetical protein"
/protein_id="BAD67158.1"
/db_xref="GI:54695306"
/translation="MFTSGGKMLKLETTDYEDIKMANYKMSDEQYSORKMQMD
IKYAKOLSOANLQNDPDLFGMTSSNQMSIQADNATPKGVYLMHSGARDIYGTI
FPYIYOKIDESKLPYTRYLVRGVSSKDLVVMHYGEIDTVANVPNDIPYVS
MPVGNELYDGOQPYRNGNVYRPMYVSTSYSDACQCPKGVVCHDSHPKXH
IDTCEVDNTNLGIWLFKISSPDGYATLDLVEYIEGYPVGEALTHVKQEKKNQO
MEKRRMETKQAYDKAKOAVDALFTGEELNVTNVLISHKNADLVQSLPYVNEMLRV
PGMYVDIYOELNARIMQASLYLDARNVTNNGFAQGLMGABEKVEQOANGTGVIV
LSNMSGISQNLARHOHGYLLRVSAKSGKGYVTLTMGNGKKEITLTFSSCDGYI
TKTYVEPESRVRVIEIGETGSPYVSEIELKAG"

```

ORIGIN

Query Match 8.2%; Score 170; DB 1; Length 3642;
Best Local Similarity 49.7%; Pred. No. 6-8e-14;
Matches 826; Conservative 0; Mismatches 750; Indels 88; Gaps 12;

QY 419 CTGCGTTCAGCTTTAAATACGATTTGGAATGTTACAAATGATTTATTTGAGAAATAC 478
 Db 503 CTGAGTAGTCTGTACCAATGATTTTTCAGTGTAGGATCAATCAATTCGACTTTAAAG 562
 QY 479 CTGCTTTCAGCTTGAACCT---TATAAAGCTTATCTACTACTATTTATGCGCAAGCTG 535
 Db 563 ATCGCTTCTTATAAATCTGAAATTAACCTGATTTCTATTTCTCTATGACAAATCTG 622
 QY 536 CTAATTTTCATTAAATTTATTAACAAGGTGCTGAATTTGCTGATGATATGCAATGCAAG 595
 Db 623 CCAATTTTGATTTGATTTATATCAAGAGGGGCTTTATATGACAGATGATGAGGAAATG 682

QY 596 ATATACATCTCTCAACAATTTGAACCTATGCTGGAACATGATGACTATTTAACTTT 655
 Db 683 ATATTAATGATGATATATCTCCACTTTGGGT-----TAAAAGCATATATATCTT 736
 QY 656 TAAAGAAATATATCTTAAATATATGTAATTTGTGCAATTTGTCAATTAATGAGAGACTTA 715
 Db 737 TAGCAGCGAAATATTAAGATATCTTAATTTGTGAGAAACATATAGAAACGTTTAA 796
 QY 716 ATAACTTGAAACGAACCTAATATGAGATGAGATATTTAAATGATATGGAATATA 775
 Db 797 ATATATCTCAAAAACAAAACGAATATCTCTGGGGTAGATATATAATATGTAAGAGG 856
 QY 776 TGAATATTACTGTATATGATATCTATCGCTCAATTTCTTTTATGATATTAAGATACA 835
 Db 857 TGACTTTAGGTGATTTGATTTAGCTGCTATGTTCCGAGATTAATATATGATTTATC 916
 QY 836 AAGATTCAATGAGAGATATGTTGAGCTTAAACTGAACCTTACAGAGAAATTTATACA 895
 Db 917 CAATACAAACAAAACGAACCTTATCTGAAAAAGTTTATGCCATCATTTGGTTTACAC 976
 QY 896 CTGAAATTAATTTGACCGCTTATCTTACTGAAATTTCAACCACTCGCTATATG 955
 Db 977 AATGAACTACTTTCAAGCTTAGAGGGTTAGAAAACGACCTTACACCCCCCATCAT 1036
 QY 956 AATTAATTTAAACAGTTTCAAGGGCTTAGATTAATTTTCAATTTTATGATGAACCTTATTTT 1015
 Db 1037 TATTTACTT-----GGTTAAACGAATTAACCTTTATATCAATGCTGAAATTT 1085
 QY 1016 ATACAAAATTAAGAAACGTACGGGAATGTTAGTTGATTTGCAATCGTAAATGATCTA 1075
 Db 1086 CAATCCAGCTTTACTGTATCTTATCTGATGCTTCAAGCTATATCTGTTATACCA 1145
 QY 1076 CTTATGCTACGACAGGAATCTGAATTTATATGAGAAAGAACGCTCCACCAACAA 1135
 Db 1146 -AAATCCAAATAGAAATTTCTAATCCGGCTCAAGAGAGCAGAAATGATACCAACAA 1204
 QY 1136 AAATTAATACATTTGAATCCATTAAGATTTCAATTTGTAATGATAGACAAATGATCTC 1195
 Db 1205 TAGGTTAAATTAATCTTTGTTTATTAATTAATATCACTGCAATATCATATCATCAATG 1264
 QY 1196 CTACTCCCTTTCTCAATACATATATCTTACAAATTAATCAATTTAAATTAATA 1255
 Db 1265 AGGTATATTAATATGCTGGAATTTCCGATATGACCTTTTAAAGATATATATGGA 1324
 QY 1256 ATTCACTAGTATTAATTAATTAATCAATTTCACTGCTGGGGGAATTTATCTAATATAAAAA 1315
 Db 1325 ATGCAACCAACAACTCA--AACTTATCAAGAGGATAGAACTCAAAATTAATTTCAATAATA 1381
 QY 1316 CAATGATTTTCAATTTCTGTAATAAAAAAGCTGAACCAATTAATTAATCAATTTCT 1375
 Db 1382 CA-----TTATGATATGCTCACAGAGAGCTCAAGCTCAAAATTAATTTCCATTAAC 1435
 QY 1376 TACCAAGCTAATATAGTATATAGCATATTTATATCCAGTTTCTTTATTAATTTCT 1435
 Db 1436 AAACAAATCAATATCTATGATATTA-----AATGATATATCTC 1477
 QY 1436 ATAAATTTGATTTAGCCGTAATATATATTAATTAACAGGTGCTTATGATGACACAGTA 1495
 Db 1478 GAATGCGCGGAACATACCATATATATTTTGAATTTTCAATTTGCTTGGACACACACTA 1537
 QY 1496 GTGTTATTAAGAAATATGATGATATCAATTAATTAATTAACATGATCCGCAATCAAG 1555
 Db 1538 GTGTAATCTGATTAATCTATATTTGTTCCAAATATAGATTTACAAATTTCTGCTGTAAAG 1597
 QY 1556 GTAACAGTCTGATACAACTCTAAGGTAAATTTGAAGACCTGTATATACAGAGAAACT 1615
 Db 1598 CTGACTATTTGACTTCAACGATTAAGTAATTTGGGGGCGGTGATATACAGAGAGATTT 1657
 QY 1616 TGGTTTATTTACAAAGTCAAGGGCGTTAGATTT-----ACAT 1654
 Db 1658 TAGTTGCTCTTCTAAGCGTCTACTCAAGCGGTAGAAATGCAATCGATGTAACAG 1717
 QY 1655 GTAGAACTCTTAATTTACAAATCTTATATCAATTTAGACTTGCATACGCTCAATATGGTG 1714

